



**INTERAÇÕES GENÓTIPOS AMBIENTES EM BOVINOS DA
RAÇA TABAPUÃ NA REGIÃO NORDESTE DO BRASIL
OBTIDAS POR NORMAS DE REAÇÃO**

LAAINA DE ANDRADE SOUZA

2014



**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA**

**INTERAÇÕES GENÓTIPOS AMBIENTES EM BOVINOS DA
RAÇA TABAPUÃ NA REGIÃO NORDESTE DO BRASIL
OBTIDAS POR NORMAS DE REAÇÃO**

Autor: Laaina de Andrade Souza
Orientador: Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro

ITAPETINGA
BAHIA – BRASIL
Março de 2014

Laaina de Andrade Souza

**INTERAÇÕES GENÓTIPOS AMBIENTES EM BOVINOS DA RAÇA
TABAPUÃ NA REGIÃO NORDESTE DO BRASIL OBTIDAS POR
NORMAS DE REAÇÃO**

Tese apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de DOUTOR EM ZOOTECNIA, ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia.

Orientador: Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro

Co-orientadores: Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado
Prof. Dr. José Braccini Neto

ITAPETINGA
BAHIA – BRASIL
Março de 2014

636.08 Souza, Laaina de Andrade.
S716i Interações genótipos ambientes em bovinos da raça tabapuã na região Nordeste do Brasil obtidas por normas de reação. / Laaina de Andrade Souza.– Itapetinga-BA: UESB, 2014.
80f.

Tese apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de DOUTOR EM ZOOTECNIA, no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - UESB - *Campus* de Itapetinga. Sob a orientação do Prof. D.Sc. Paulo Luiz Souza Carneiro e co-orientação do Prof. D.Sc. Carlos Henrique Mendes Malhado e Prof. D.Sc. José Braccini Neto.

1. Zebuínos – Efeito materno - Regressão aleatória. 2. Gradiente ambiental. 3. Parâmetro genético. I. Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - Programa de Pós-Graduação de Doutorado em Zootecnia. II. Carneiro, Paulo Luiz Souza. III. Malhado, Carlos Henrique Mendes. IV. Braccini Neto, José. V. Título.

CDD(21): 636.08

Catálogo na Fonte:

Adalice Gustavo da Silva – CRB 535-5ª Região
Bibliotecária – UESB – Campus de Itapetinga-BA

Índice Sistemático para desdobramentos por Assunto:

1. Zebuínos – Efeito materno - Regressão aleatória
2. Gradiente ambiental
3. Parâmetro genético
4. Interações genótipos ambientes

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA - UESB
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA
Área de Concentração: Produção de Ruminantes

Campus Itapetinga-BA

DECLARAÇÃO DE APROVAÇÃO

Título: “Interações Genótipos ambientes em bovinos da raça Tabapuã na região nordeste do Brasil obtidas por normas de reação”.

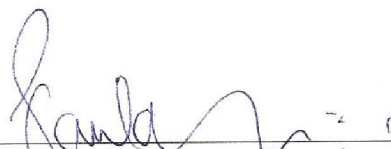
Autor (a): Laaina de Andrade Souza

Orientador (a): Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro

Co-orientador (a): Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado

Prof. Dr. José Braccini Neto

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de DOUTOR EM ZOOTECNIA, ÁREA DE CONCENTRAÇÃO: PRODUÇÃO DE RUMINANTES, pela Banca Examinadora:



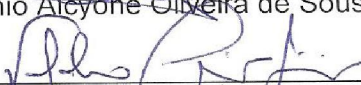
Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro – UESB
Orientador



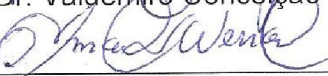
Prof. Dr. Derval Gomes Pereira – UESB



Prof. Dr. Antonio Alcyrone Oliveira de Sousa Júnior – IFBAIANO



Prof. Dr. Valdemiro Conceição Júnior – UESB



Prof. Dr. Amauri Arias Wenceslau – UESC

Data de realização: 06 de março de 2014.

“É muito melhor lançar-se em busca de conquistas grandiosas, mesmo expondo-se ao fracasso, do que alinhar-se com os pobres de espírito, quem nem gozam muito, nem sofrem muito, porque vivem numa penumbra cinzenta, onde não conhecem nem vitória, nem derrota.”

(Theodore Roosevelt)

“A persistência é o menor caminho do êxito”.

(Charles Chaplin)

Ao meu esposo Bráulio, pelo seu amor, cumplicidade e companheirismo em todos os momentos;

Aos meus amados pais, José Newton e Nilza, pelo amor incondicional, por sempre acreditarem em mim e me apoiarem em tudo;

Às minhas irmãs maravilhosas, Ellise e Paluzzi, pelo amor, incentivo e amizade;

Aos meus queridos sogros, Dr. Manoel e D. Gal, pelo carinho e dedicação;

Ao meu sobrinho-afilhado Nicholas, que sempre me traz alegrias, e que eu amo muito;

Aos meus cunhados: Matheus, Gina, Fran e Olavo, pelo apoio;

Não poderia esquecer os meus filhotes, Lunna e Napoleão, que também fazem parte dessa história!!!

Amo Vocês!!!

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus (meu refúgio), por eu ter conseguido concretizar mais uma etapa da minha vida profissional, sem Ele nada teria sentido;

À Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, pela oportunidade de realização deste curso e ao Programa de Pós-Graduação Genética, Biodiversidade e Conservação, pelo apoio;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos;

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (Fapesb), pelo apoio;

Ao orientador, professor Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro e co-orientador professor Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado, a minha sincera e eterna gratidão, pela orientação, pelos seus exemplos de profissionalismo, pelo encorajamento e oportunidade, além da confiança e amizade;

Ao professor, Dr. José Braccini Neto, pela co-orientação e contribuições para a melhoria do meu trabalho;

Aos coordenadores, professores e funcionários do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, pela contribuição ao meu aprendizado e crescimento profissional;

À Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), na pessoa do professor ilustre Dr. Raimundo Martins Filho, pela disponibilização dos dados;

Aos Professores, Dr. Derval Gomes Pereira, Dr. Paulo Bonomo, Dr. Paulo Roberto Antunes de Mello Affonso, Dr. Sérgio Augusto Fernandes, pela participação no Exame Geral de Qualificação;

Aos professores, Dr. Antônio Alcyone Oliveira de Souza Júnior, Dr. Amauri Arias Wenceslau, Dr. Derval Gomes Pereira, Dr. Valdemiro Conceição Júnior e os suplentes Dr. Paulo Bonomo e Dr. Márcio dos Santos Pedreira, por aceitarem o convite para minha banca de defesa;

Aos meus padrinhos e avós, Lia e Adolfo (in memoriam), pelas orações, pelo amor e incentivo sempre, e a todos os meus familiares que estão na torcida pelo meu sucesso;

A todos os meus colegas do doutorado, em especial, Aracele (mana), que me conquistou desde o início, sempre esteve ao meu lado, incentivando-me, apoiando-me nos momentos mais difíceis dessa caminhada; Luzyanne (marida), distantes fisicamente, mas sempre ligadas uma a outra em qualquer situação. Obrigada pelo carinho, pela dedicação, por sempre estarem dispostas a me ouvir e pela nossa eterna AMIZADE!!!;

A Diego Pagung, pela co-orientação, que esteve a todo momento tirando minhas dúvidas nas análises e socorrendo-me sempre que eu precisei, mesmo estando distante;

A todos do Grupo de Estudos em Melhoramento Animal (GEMA), em especial, à Lorena, Carla, Emanoela - Manú, Bárbara, Marcela, Isabella, Mário, Andréa, Eva, Jarbas, Zé Lauro e Fernando;

À “prima” Ingrynd, que esteve sempre na torcida por mim, obrigada pelas orações;

Às minhas grandes amigas (Riviane, Carolina, Verusca, Stella, Paloma, Dirlane, Karol, Carilan e Suian), pela amizade, incentivo e apoio constantes;

A todas as pessoas que contribuíram de alguma maneira para minha chegada até aqui...

Serei eternamente grata!!!

BIOGRAFIA

LAINA DE ANDRADE SOUZA, filha de José Newton de Souza e Nilza de Andrade Souza, nasceu em 12 de junho de 1980, em Jequié, Bahia.

Em agosto de 1999, iniciou o curso de Zootecnia na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - UESB, finalizando em 2004.

Em março de 2008, iniciou o curso de Pós-Graduação em Zootecnia – Mestrado em Zootecnia, na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB, Concentração em Produção de Ruminantes, finalizando em fevereiro de 2010.

Em março de 2010, iniciou o curso de Pós-Graduação em Zootecnia – Doutorado em Zootecnia, na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB, Concentração em Produção de Ruminantes.

Em 06 de março de 2014, defendeu a presente Tese.

SUMÁRIO

	Página
LISTA DE FIGURAS.....	ix
LISTA DE TABELAS.....	xi
LISTA DE SIGLAS, SÍMBOLOS E ABREVIATURAS.....	xii
RESUMO.....	xiv
ABSTRACT.....	xvi
I – REFERENCIALTEÓRICO.....	18
1.1 Introdução.....	18
1.2 Revisão de Literatura.....	19
1.2.1 Interações Genótipos Ambientes (IGA).....	19
1.2.2 Normas de Reação (NR).....	20
1.2.3 Gradiente Ambiental.....	21
1.2.4 Alguns estudos com IGA.....	22
2. Referências Bibliográficas.....	25
II – OBJETIVOS GERAIS.....	29
III – CAPÍTULO I - INTERAÇÕES GENÓTIPOS AMBIENTES PARA PESO AOS 205 DIAS DE IDADE EM BOVINOS DA RAÇA TABAPUÃ NA REGIÃO NORDESTE DO BRASIL OBTIDAS POR NORMAS DE REAÇÃO.....	30
Resumo.....	30
Abstract.....	31
Introdução.....	32
Material e Métodos.....	34
Resultados e Discussão.....	39
Conclusões.....	46
Referências Bibliográficas.....	47

IV – CAPÍTULO II - INTERAÇÕES GENÓTIPOS AMBIENTES PARA PESOS AOS 365 E 550 DIAS DE IDADE EM BOVINOS DA RAÇA TABAPUÃ NA REGIÃO NORDESTE DO BRASIL OBTIDAS POR NORMAS DE REAÇÃO.....	51
Resumo.....	51
Abstract.....	52
Introdução.....	53
Material e Métodos.....	55
Resultados e Discussão.....	60
Conclusões.....	71
Referências Bibliográficas.....	72
V – CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	76

LISTA DE FIGURAS

	Página
FIGURA 1. Herdabilidades da característica P205 para o efeito direto e materno nos modelos propostos pelo gradiente ambiental.....	40
FIGURA 2. Norma de reação ao longo do gradiente ambiental para o P205 para efeito direto obtido para os 10 reprodutores com maior número de filhos.....	42
FIGURA 3. Norma de reação ao longo do gradiente ambiental para o P205 para efeito materno obtido para os 10 reprodutores com maior número de filhos.....	43
FIGURA 4. Gráfico de superfície de resposta das correlações entre os valores genéticos Direto (A) e Materno (B) e o gradiente ambiental.....	45
FIGURA 5. Herdabilidades da característica P365 para o efeito direto e materno nos modelos propostos pelo gradiente ambiental.....	62
FIGURA 6. Herdabilidades da característica P550 nos modelos propostos pelo gradiente ambiental.....	62
FIGURA 7. Norma de reação ao longo do gradiente ambiental para o P365 para efeito direto obtido para os 10 reprodutores com maior número de filhos.....	65
FIGURA 8. Norma de reação ao longo do gradiente ambiental para o P365 para efeito materno obtido para os 10 reprodutores com maior número de filhos.....	65
FIGURA 9. Norma de reação ao longo do gradiente ambiental para o P550 obtido para os 10 reprodutores com maior número de filhos.....	66

FIGURA 10. Gráfico de superfície de resposta das correlações entre os valores genéticos direto e o gradiente ambiental (P365)	68
FIGURA 11. Gráfico de superfície de resposta das correlações entre os valores genéticos materno e o gradiente ambiental (P365)	69
FIGURA 12. Gráfico de superfície de resposta das correlações entre os valores genéticos e o gradiente ambiental (P550)	69

LISTA DE TABELAS

	Página
TABELA 1. Critério de informação da <i>deviance</i> (DIC), <i>deviance</i> baseada na ordenada preditiva condicional (CPO) e a <i>deviance</i> baseada nos fatores de Bayes (FB) para comparação entre o modelo animal padrão e modelos hierárquicos de norma de reação homoscedástico um passo e heteroscedástico um passo.....	39
TABELA 2. Correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores Tabapuã no Nordeste do Brasil, obtidos pelo modelo animal (MA) e pelo modelo hierárquico normas de reação homoscedástico um passo (MHNRRHO _{1p}) para os diferentes níveis ambientais.....	44
TABELA 3. Critério de informação da <i>deviance</i> (DIC), <i>deviance</i> baseada na ordenada preditiva condicional (CPO) e a <i>deviance</i> baseada nos fatores de Bayes (FB) para comparação entre o modelo animal padrão e modelos hierárquicos de norma de reação homoscedástico um passo e heteroscedástico um passo.....	60
TABELA 4. Correlações de Spearman para P365 e P550 entre as classificações dos reprodutores Tabapuã no Nordeste do Brasil obtidos pelo modelo animal (MA) e pelo modelo hierárquico normas de reação homoscedástico um passo (MHNRRHO _{1p}) para os diferentes níveis ambientais.....	67

LISTA DE SIGLAS, SÍMBOLOS E ABREVIATURAS

- ABCZ - Associação Brasileira de Criadores de Zebu
- BF - *Deviance* baseada nos Fatores de *Bayes*
- CPO - *Deviance* baseada na Ordenada Preditiva Condicional
- DIC - Critério de Informação da *Deviance*
- FC - Função de covariância
- GC - Grupos de contemporâneos
- IDV - Idade da vaca
- IDV² - Idade da vaca ao quadrado
- IGA – Interações genótipos ambientes
- MA - Modelo animal
- MCMC - Métodos Monte Carlo via Cadeias de Markov
- MHNRHE1P - Modelo Hierárquico Normas de Reação Heteroscedástico Um Passo
- MHNRHE2P - Modelo Hierárquico Normas de Reação Heteroscedástico Dois Passos
- MHNRHO1P - Modelo Hierárquico Normas de Reação Homoscedástico Um Passo
- MHNRHO2P - Modelo Hierárquico Normas de Reação Homoscedástico Dois Passos
- MNR - Modelo de norma de reação
- MRA - Modelo de regressão aleatória
- NR - Norma de reação
- SA - Sensibilidade ambiental
- SAS - Statistical Analysis System
- VC - Componentes de variâncias
- σ_a^2 - Variância genética aditiva direta
- $h^2|X$ - Herdabilidade no ambiente X
- h^2 - Herdabilidade
- $h_a^2|X$ - Herdabilidade genética aditiva direta no ambiente X
- h_a^2 - Herdabilidade genética aditiva direta

$h_m^2|X$ - Herdabilidade genética materna no ambiente X

h_m^2 - Herdabilidade genética materna

$\sigma_e^2|X$ - Variância residual no ambiente X

σ_e^2 - Variância residual

$\sigma_M^2|X$ - Variância genética materna no ambiente X

σ_m^2 - Variância genética materna

σ_{pe}^2 - Variância do efeito de ambiente permanente materno

$\sigma_{a,b}$ - Covariância entre efeitos genéticos de intercepto e de inclinação

σ_b^2 - Variância da inclinação da norma de reação

RESUMO

SOUZA, Laaina de Andrade. **Interações Genótipos Ambientais em Bovinos da Raça Tabapuã na região Nordeste do Brasil obtidas por Normas de Reação**. Itapetinga-Ba: UESB, 2014. 80p. (Tese – Doutorado em Zootecnia, Área de concentração em Produção de Ruminantes)*

Objetivou-se verificar a presença das interações genótipos ambientes (IGA) para os pesos ajustados aos 205, 365 e 550 dias de idade (P205, P365 e P550), respectivamente, na raça Tabapuã no Nordeste do Brasil, usando modelos de norma de reação (MNR) via abordagem bayesiana, cujos dados foram cedidos pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ). Os modelos hierárquicos de norma de reação (MHNR) incluíram o efeito fixo de idade da vaca (linear e quadrático) e aleatório de grupo de contemporâneo (GC), genético aditivo direto, genético materno e efeito de ambiente permanente materno, sendo estes dois últimos inclusos nos modelos para os pesos aos 205 e 365 dias de idade. O critério de informação da *deviance* (DIC) e a *deviance* baseada na ordenada preditiva condicional (CPO) mostraram que o MNR com variância residual homogênea e um passo (MHNRHO_{1p}) proporcionou melhor ajuste aos dados, quando comparado com os modelos com variância residual heterogênea e o modelo animal padrão (MA). Para peso aos 205 dias (P205), foram utilizados 12.267 registros, houve convergência a 1% ($p > 0,01$) para todos os parâmetros nos modelo animal, MHNRHO_{1p} e MHNRHE_{1p}. O gradiente ambiental, para o modelo escolhido, variou de -48 a 52 kg, caracterizando níveis ambientais baixo e alto. As estimativas de herdabilidade direta e materna para P205 no modelo animal foram $0,30 \pm 0,03$ e $0,10 \pm 0,02$, respectivamente. As herdabilidades direta e materna para o modelo normas de reação aumentaram de acordo com a melhoria do gradiente ambiental, e esse aumento foi mais acentuado para a herdabilidade direta. As correlações entre a inclinação e o intercepto da norma de reação foram de $0,44 \pm 0,21$ e $0,19 \pm 0,24$, para o efeito direto e materno, respectivamente. Essas correlações de moderada para baixa indicam pouca ou ausência de relação entre os valores genéticos dos touros no ambiente de baixo manejo e os valores genéticos destes ao longo do gradiente ambiental. As correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores com maiores valores genéticos variaram de 0,67 a 0,96 nos diferentes ambientes e modelos, quando 5% dos reprodutores com maiores valores genéticos foram escolhidos. Os resultados caracterizam IGA para o peso à desmama, principalmente ao se considerar os touros mais usados no rebanho, sendo observadas mudanças de classificação e/ou efeito escala para o efeito direto e em menor magnitude para o efeito materno. Para peso aos 365 e 550 dias (P365 e P550), foram utilizados 7.760 e 9.367 registros, respectivamente, houve convergência a 5% ($p > 0,05$) para todos os parâmetros nos modelos MA e MHNRHO_{1p} para P365 e P550. O gradiente ambiental, para o modelo escolhido, variou de -67 a 113 kg, para P365; e -107 a 166 kg, para P550. As estimativas de herdabilidade direta e materna para o modelo animal foram, respectivamente, $0,17 \pm 0,04$ e $0,07 \pm 0,03$ para P365. As herdabilidades direta, para modelo normas de reação no ambiente de baixo

manejo, foram de $0,21 \pm 0,06$, e no ambiente de alto $0,70 \pm 0,04$; já a herdabilidade materna nesse modelo foi de $0,01 \pm 0,01$ para P365. Para P550, a estimativa de herdabilidade direta para o modelo animal foi de $0,38 \pm 0,03$ e a herdabilidade direta para o modelo normas de reação no ambiente de baixo manejo foi de $0,12 \pm 0,05$ e no ambiente de alto $0,85 \pm 0,013$. As correlações entre a inclinação e o intercepto da norma de reação foram de $0,68 \pm 0,10$ e $0,96 \pm 0,06$, para o efeito direto e materno, respectivamente, no P365, indicando que os animais com maiores valores genéticos respondem positivamente à melhoria do ambiente, especialmente para o efeito materno. No P550, a correlação para o efeito direto foi de $0,92 \pm 0,03$, caracterizando animais responsivos e presença de interações genótipos ambientes. As correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores para P365 variaram de 0,14 a 0,94; e para P550, de 0,01 a 0,99, nos diferentes ambientes e modelos. Observou-se IGA para os pesos aos 365 e 550 dias de idade apenas quando se considerou os animais com maior número de filhos no rebanho.

PALAVRAS-CHAVE – efeito materno, gradiente ambiental, parâmetro genético, regressão aleatória, zebuínos.

* Orientador: Paulo Luiz Souza Carneiro, D.Sc., UESB e Co-orientadores: Carlos Henrique Mendes Malhado, D.Sc., UESB José Braccini Neto, D.Sc., UFRGS.

ABSTRACT

SOUZA, Laaina de Andrade. **Genotype-Environment Interactions in Tabapuã Cattle in Northeast Brazil obtained by Reaction Norms**. Itapetinga-Ba: UESB, 2014. 80p. (Thesis-Doctorate in Animal Science, Area of Concentration in ruminant production)*

The objective was to verify the presence of genotype-environment interactions (GEI) for adjusted weight at 205, 365 and 550 days of age (W205, W365 and W550) in the Tabapuã breed in Northeast Brazil using reaction-norms models (RNM) via Bayesian approach. The data were provided by the Brazilian Association of Zebu Breeders (*Associação Brasileira de Criadores de Zebu*, ABCZ). The hierarchical reaction-norms models (HRNM) included the fixed (linear and quadratic) effect of cow age and random effects of contemporary group (CG), genetic additive direct, genetic maternal and maternal permanent environmental effects, the last two being included in the models for weights at 205 and 365 days of age. Deviance information criterion (DIC) and deviance based on the conditional predictive ordinate (CPO) showed that the RNM with homogeneous residual variance and one step (HRNMHO_{1s}) provided better data adjustment compared with the models with heterogeneous residual variance and the standard animal model (AM). For weight at 205 days (W205), 12,267 records were used; there was convergence at 1% ($p > 0.01$) for all parameters in the animal, HRNMHO_{1s} and HRNMHE_{1s} models. The environmental gradient for the chosen model varied from -48 to 52 kg, characterizing low and high environmental levels. The direct and maternal heritability estimates for W205 in the animal model were 0.30 ± 0.03 and 0.10 ± 0.02 , respectively. The direct and maternal heritability values for the reaction-norms models increased as the environmental gradient was improved, and this increase was more marked for the direct heritability. The correlations between the slope and the intercept of the reaction norm were 0.44 ± 0.21 and 0.19 ± 0.24 for the direct and maternal effects, respectively. These moderate-to-low correlations indicate little or absence of relationship between the genetic values of bulls in the low-management environment and their genetic values throughout the environmental gradient. Spearman's correlations among the classifications of the sires with greater genetic values varied from 0.67 to 0.96 in the different environments and models, when 5% of the sires with greater genetic values were selected. The results characterize a GEI for weaning weight, especially when we consider the most used bulls in the herd, with the presence of changes of ranking and/or scale effect for the direct effect and, at a lower magnitude, for the maternal effect. A total of 7,760 and 9,367 records were used for weight at 365 and 550 days (W365 and W550), respectively. There was convergence at 5% ($p > 0.05$) for all parameters in the AM and HRNMHO_{1s} models for W365 and W550. The environmental gradient for the chosen model varied from -67 to 113 kg for W365 and -107 to 166 kg for W550. The direct and maternal heritability estimates for the animal model were 0.17 ± 0.04 and 0.07 ± 0.03 , respectively, for W365. The direct heritability for the reaction-norms model in the low-management environment was 0.21 ± 0.06 and in the high-management environment it was 0.70 ± 0.04 . The maternal heritability in this model was 0.01 ± 0.01 for W365. For W550 the direct heritability estimate for the animal model was 0.38 ± 0.03 ; and the direct heritability values for the reaction-norms model in the low- and high-management environments were 0.12 ± 0.05 and 0.85 ± 0.013 , respectively. The correlations between the

slope and the intercept of the reaction norm were 0.68 ± 0.10 and 0.96 ± 0.06 for the direct and maternal effects, respectively, on W365, indicating that the animals with greatest genetic values respond positively to improvements in the environment, especially for the maternal effect. On W550 the correlation for direct effect was 0.92 ± 0.03 , characterizing responsive animals and the presence of genotype-environment interactions. Spearman's correlations among the rankings of sires for W365 varied from 0.14 to 0.94, and for W550, from 0.01 to 0.99 in the different environments and models. Genotype-environment interactions were observed for weights at 365 and 550 days of age only when animals with a greater number of offspring in the herd were considered.

Key words: environmental gradient, genetic parameter, maternal effect, random regression, zebu

*Adviser: Paulo Luiz Souza Carneiro, D.Sc., UESB e Co-advisers: Carlos Henrique Mendes Malhado, D.Sc., UESB José Braccini Neto, D.Sc., UFRGS.

I – REFERENCIAL TEÓRICO

1.1 INTRODUÇÃO

O Brasil não apresenta um sistema padrão de exploração de gado bovino em todo seu território e a diversidade de sistemas de exploração está, em grande parte, ligada a diferenças de fatores climáticos, econômicos e históricos e à disponibilidade de recursos naturais que influenciam a produção animal (Toral et al., 2004). Essa diversidade de ambientes proporciona oportunidades diferentes de expressão para o mesmo genótipo, o que dificulta a identificação de indivíduos geneticamente superiores (Lopes et al., 2008).

Essa diversidade é maior quando se considera a região do Nordeste do Brasil com uma área de 1.561.177,8 km², equivalente a, aproximadamente, 18% do território nacional (ASA Brasil, 2013). A maior parte desse território está sob a influência do clima semiárido, caracterizado por um conjunto de fatores que o leva a uma forte deficiência hídrica, com pluviosidades que variam de 1600mm no litoral a menor que 400mm no sertão, apresentando temperaturas elevadas com média anual de 20 a 28°C (CPTEC/INPE, 2014).

Em decorrência de sua habilidade materna, alto índice de fertilidade, docilidade, rusticidade e, principalmente, por se desenvolver e adaptar às condições ambientais do território brasileiro, a raça Tabapuã é uma das raças mais importantes, tanto pelo seu quantitativo como pela evolução que vem adquirindo como raça produtora de carne (Ferraz Filho, 2002).

Os programas de melhoramento genético estão se tornando cada vez mais amplos e, às vezes, internacionais, o que significa que os objetivos de seleção devem ser direcionados para que os animais tenham boas performances em uma ampla diversidade de ambientes. Dessa forma, estudos que avaliem a presença das interações genótipos ambientes (IGA) e que considerem estas interações nas análises tornam-se cada vez mais importantes.

Existem poucos estudos com zebuínos e poucos utilizaram normas de reação, especialmente na região Nordeste. Assim, este estudo será a primeira aplicação de normas de reação para avaliação da IGA em bovinos da raça Tabapuã da região Nordeste do Brasil, com inclusão do efeito materno para peso aos 205 e 365 dias de idade.

1.2 REVISÃO DE LITERATURA

1.2.1 Interações Genótipos Ambientes (IGA)

A IGA existe quando o mérito relativo de dois ou mais genótipos é dependente do ambiente no qual são comparados (Mascioli et al., 2006) e/ou, quando um genótipo é melhor em um ambiente e não em outro (Falconer & Mackay, 1996).

Quanto mais distantes forem os genótipos e/ou os ambientes mais heterogêneos, mais fácil será de identificar a existência de interações. Essas interações podem se expressar de diferentes formas e com diferentes intensidades. De acordo com Calus (2006), a IGA resulta em três efeitos: heterogeneidade de variâncias genéticas entre ambientes (também conhecido como efeitos de escala), reclassificação dos animais entre ambientes baseado em valores genéticos estimados, e heterogeneidade de correlações entre duas ou mais características entre ambientes. Sendo a expressão mais extrema representada pela inversão de posicionamento de um determinado genótipo com sua mudança para outro ambiente diferente daquele onde foi obtido o primeiro posicionamento.

Essas interações podem provocar alterações nas variâncias genéticas, fenotípicas e ambientais e, conseqüentemente, resultar em mudanças nas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, implicando na possibilidade de mudanças nos critérios de seleção, dependendo do ambiente (Alencar et al., 2005).

De acordo com Corrêa et al. (2007), a IGA pode prejudicar o progresso genético das populações de bovinos de corte pelo uso inadequado de reprodutores, assim, é de fundamental importância sua consideração nas avaliações genéticas.

Devido ao advento da globalização no melhoramento genético, a IGA torna-se cada vez mais importante (Kolmodim & Bijma, 2004), visto que a disseminação de material genético por todo o mundo é feita de forma mais eficiente, graças aos avanços científicos na área da reprodução, como a inseminação artificial e transferência de embriões. Porém, a dificuldade é conseguir estimar o desempenho dos progenitores em ambientes onde seus filhos não foram testados. Neste contexto, ressalta-se o Brasil, pois apresenta grande extensão territorial, e com o crescimento do mercado de sêmen, os produtores podem comprar e utilizar sêmen de animais avaliados em diferentes ambientes, inclusive do exterior. Isso pode levar a dificuldades, pois suas progênes serão criadas em ambientes muito diferentes daqueles em que seus filhos foram criados, para gerar as avaliações genéticas.

1.2.2 Normas de Reação (NR)

Dentre as formas de se avaliar a IGA, o modelo de normas de reação (MNR) tem se destacado em todo o mundo, sendo uma função de covariância que permite atribuir a cada animal dois coeficientes de regressão aleatórios (intercepto e inclinação), que predizem o valor genético em função do gradiente ambiental. Assim, cada animal terá um valor genético para cada ambiente, caracterizando e considerando a IGA (Rodrigues, 2012).

Do ponto de vista estatístico, através do uso de funções de covariância (Kirkpatrick et al., 1990; Gomulkiewickz & Kirkpatrick, 1992), o modelo de normas de reação pode ser generalizado para um número infinito de ambientes ou caracteres, possibilitando-se estudar a norma de reação dos animais para variações gradativas no ambiente de produção, pela regressão do desempenho dos genótipos no valor médio do desempenho observado em cada ambiente (De Jong, 1995; Falconer & Mackay, 1996).

A vantagem deste modelo é que a resposta da seleção pode ser predita não somente na expressão fenotípica em todo o ambiente, mas também na sensibilidade ambiental da característica (robustez ou plasticidade) às mudanças no ambiente (De Jong & Bijma, 2002).

A abordagem de normas de reação, usando modelos de regressão aleatória ao longo de um gradiente ambiental, tem sido utilizada para o estudo da IGA (Strandberg,

2006). Schlichting & Pigliucci (1998) colocam que as diferentes fases de desenvolvimento podem alterar as normas de reação adaptativas (NRA) dos genótipos, gerando outro eixo de análise passível de interação, o eixo temporal.

Essa resposta às variações gradativas no ambiente de produção pode ser caracterizada através de normas de reação obtidas por meio de funções de covariância, via modelos de regressão aleatória (Kirkpatrick et al., 1990), sendo possível identificar os genótipos de melhor desempenho em cada extrato do gradiente ambiental.

As normas de reação utilizam modelos sem considerar as interações genótipos ambientes para obter estimativas dos ambientes e, em seguida, as utiliza como uma covariável conhecida em modelos de regressão aleatória. Este é comumente chamado de Modelo de Normas de Reação em dois passos. Após alguns anos, Su et al. (2006) sugeriram outro procedimento, sob o enfoque bayesiano, que estima todos os parâmetros conjuntamente, que ficou conhecido como Modelo de Normas de Reação em um passo.

Vários autores (Amborsini et al., 2012; Cardoso et al., 2007; Cardoso & Tempelman 2012; Corrêa et al., 2007, 2009; Kolmodin et al., 2002; Mattar et al., 2011; Pegolo et al., 2011; Rodrigues 2012; Streit et al., 2012; Su et al., 2006) têm estudado a IGA através de normas de reação.

1.2.3 Gradiente Ambiental

De acordo com Shariati (2007), gradientes ambientais são facilmente definidos em experimentos de laboratório com espécies como *Drosophila*, ou em experimentos de campo bem controlados com plantas. Em avaliações genéticas de animais, entretanto, os gradientes ambientais compreendem complexos e desconhecidos efeitos de fatores ambientais, como rebanho, ano, estação de nascimento, manejo, região etc., ou combinações destes fatores definidos como grupos de contemporâneos.

Como o gradiente ambiental é desconhecido, pode-se estimá-lo por meio de um modelo animal, como realizado por Komoldin et al (2002), Calus & Veerkamp (2003) e Cardoso et al.(2005) entre outros. E em seguida, utilizar estas estimativas como uma covariável conhecida em um modelo de regressão aleatória.

Su et al. (2006) propuseram, através da teoria bayesiana, estimar simultaneamente o gradiente ambiental e a norma de reação, ou seja, não sendo necessário utilizar os resultados dos efeitos ambientais estimados de uma análise prévia. Assim, a covariável é considerada desconhecida no modelo proposto e as soluções para este efeito são usadas como covariáveis para obter a norma de reação. Segundo esses autores, o fato de considerar o gradiente ambiental como uma covariável conhecida poderia causar erros nas estimativas, devido ao valor genético ser definido em função do gradiente ambiental. Sendo assim, espera-se que esta metodologia minimize possíveis erros sobre os valores genéticos estimados.

Como a metodologia que utiliza a norma de reação para o estudo da IGA supõe que o ambiente seja classificado sobre qualquer escala e também que as características possuam continuidade fisiológica sobre o ambiente (De Jong & Bijma, 2002), ela permite distinguir a capacidade dos genótipos em serem mais ou menos sensíveis às mudanças ambientais. Esta suscetibilidade dos genótipos ao ambiente é denominada de sensibilidade ambiental ou plasticidade fenotípica (De Jong & Bijma, 2002).

A plasticidade fenotípica refere-se a qualquer tipo de variação induzida pelo meio ambiente, sem que mudanças genéticas sejam necessárias (Scheiner, 1993; Via et al., 1995). Como a seleção natural age por meio de diferenças no fenótipo (Via, 1990), a plasticidade fenotípica é fator evolutivo importante por constituir um mecanismo gerador de variabilidade (Thompson, 1991). Genótipos que expressam grande variabilidade fenotípica entre diferentes ambientes são plásticos, entretanto, genótipos que mostram pequena variabilidade entre ambientes distintos são robustos. Plasticidade fenotípica está relacionada à IGA e, se diferentes genótipos têm diferentes normas de reação, então há ocorrência de IGA (De Jong & Bijma, 2002).

1.2.4 Alguns estudos com IGA

Cardoso et al. (2005) verificaram a presença da IGA sobre o ganho de peso pós desmama de bovinos da raça Angus no Sul do Brasil, através de normas de reação do ambiente, via modelos de regressão aleatória, usando abordagem bayesiana. Os resultados indicaram que a variância genética aditiva foi crescente no gradiente ambiental e os animais de maior valor genético foram os que mais responderam à melhora do

ambiente, caracterizando o efeito em escala das interações genótipos ambiente (IGA). Segundo os autores, as interações genótipos ambientes (IGA) no ganho em peso pós-desmama de bovinos Angus é substancial e, essencialmente, devido ao efeito de escala. Os programas de avaliação genética devem considerar as interações genótipos ambientes (IGA) e a heterogeneidade da variância genética no gradiente ambiental para aumentar a acurácia e progresso genético em cada ambiente específico.

Da mesma maneira, Corrêa et al. (2007), utilizando um modelo animal convencional e um modelo hierárquico de normas de reação que considera a IGA, encontraram diferença no ordenamento de reprodutores para a característica ganho de peso pós desmama em bovinos da raça Devon.

A existência das interações genótipos ambientes (IGA) na população de bovinos Devon no Rio Grande do Sul no Brasil foi verificada por Corrêa et al.(2009). Esses autores observaram que o modelo normas de reação com variância residual homogênea foi o melhor ajuste aos dados para ganho de peso pós desmama, quando comparado ao modelo normas de reação com variância heterogênea e ao modelo animal, tradicionalmente usados em avaliações genéticas. Lee & Bertrand (2002) encontraram pouca diferença nas classificações para ganho de peso pós desmama de touros da raça Hereford, avaliados na Argentina, América do Norte e Uruguai, obtendo altas correlações genéticas entre essa característica nos diferentes países. No entanto, Kolmodin et al. (2002) relataram, via normas de reação, mudanças de classificações dos touros e demonstraram que animais com registros de desempenho em ambientes de baixo manejo se beneficiaram, quando avaliadas em um ambiente específico. Ambrosini (2012a), em seu trabalho com Nelore Mocho no Nordeste do Brasil para P205, observaram o efeito em escala ao longo de todos os níveis ambientais, com aumento diferenciado dos valores genéticos dos reprodutores com a melhora no ambiente. Caracterizaram IGA complexa para os reprodutores com mudança na classificação dos animais pelos valores genéticos diretos e maternos nos ambientes baixos, médios e altos. Os animais com maior valor genético foram os que mais responderam à melhora ambiental, sendo os genótipos com maior plasticidade e mais responsivos.

Faria et al. (2011), avaliando os efeitos das interações genótipos ambientes sobre as estimativas de componentes de covariâncias e predição dos valores genéticos para o peso ao desmame de bovinos Nelore, sob enfoque bayesiano, observaram que as

correlações de ordem de Spearman foram superiores a 97%, indicando que, praticamente, não houve mudança na classificação dos animais avaliados, considerando os diferentes modelos de análise genética. Esses resultados foram diferentes dos apresentados por Lopes et al. (2008) que, ao estudarem as interações genótipos ambientes para bovinos da raça Nelore, criados em diferentes estados do Sul do Brasil, verificaram alterações na classificação dos touros avaliados.

Toral et al. (2004) obtiveram o mesmo ao avaliar as interações genótipos ambientes para características de crescimento de bovinos Nelore, criados em microrregiões distintas do estado de Mato Grosso do Sul. O mesmo foi observado por Alencar et al. (2005) para a raça Canchim no estado de São Paulo. Fridrich et al. (2008) verificaram alterações na ordem de classificação dos touros para algumas das regiões do Brasil ao avaliar o efeito de interação touro-rebanho.

2. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALENCAR, M.M.; MASCIOLI, A.S.; FREITAS, A.R. Evidências de interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa/MG, v.34, n.2, p.489-495, 2005.

AMBROSINI, D.P. **Interação genótipos ambientes em bovinos da raça Nelore Mocha na Região Nordeste do Brasil obtido por normas de reação**. 2012.81f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. 2012a.

AMBROSINI, D.P.; CARNEIRO, P.L.S.; BRACCINI NETO, J. et al. Interação genótipo x ambiente quanto ao peso ao ano em bovinos Nelore Mocho no Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.47, n.10, p.1489-1495, 2012.

ASA Brasil. Articulação Semiárido Brasileiro. **Caracterização do semiárido brasileiro**. Disponível em <<http://www.asabrasil.org.br/portal/Default.asp>>. Acesso em: 15 out. 2013.

CALUS, M. P. L. **Estimation of genotype x environment interaction for yield, health and fertility in dairy cattle**. Tese (PhD). Wageningen University, Wageningen, 2006.

CALUS, M. P. L.; VEERKAMP, R. F. Estimation of environmental sensitivity of genetic merit for milk production traits using a random regression model. **Journal Dairy Science**. v.86, p.3756-3764. 2003.

CARDOSO, F.F. OLIVEIRA, M.M., CAMPOS, L.T. Modelos hierárquicos Bayesianos para estudo de interação genótipo-ambiente via normas de reação aplicados ao ganho pós-desmama de bovinos Angus. **In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, 44, 2007, Jaboticabal. Anais... Jaboticabal: SBZ, 2007.

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Caracterização de interação genótipo-ambiente no ganho pós-desmama de bovinos Angus via normas de reação. **In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, 42, 2005, Goiânia. Anais. Goiânia: SBZ, 2005.

CARDOSO, F.F.; TEMPELMAN, R.J. Linear reaction norm models for genetic merit prediction of Angus cattle under genotype by environment interaction. **Journal of Animal Science**, v.90, p.2130-2141, 2012.

CORRÊA, M. B. B. **Caracterização da interação genótipo-ambiente no desempenho de bovinos Devon no Rio Grande do Sul via normas de reação obtidas por regressão aleatória**. Pelotas. 87p. Tese (Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Área de Concentração: Melhoramento Animal, Doutor em Ciências) Universidade Federal de Pelotas. 2007.

CORRÊA, M. B. B.; DIONELLO, N. J. L.; CARDOSO, F.F. Caracterização da interação genótipo-ambiente e comparação entre modelos para ajuste do ganho pós-desmama de bovinos Devon via normas de reação. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.38, n.8, p.1468-1477, 2009.

CPTEC/INPE. Centro de Previsão de Tempo e Estudos Climáticos. Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais. **Caracterização do clima semiárido brasileiro**. Disponível em <<http://www.cptec.inpe.br/>>. Acesso em: 18 dez. 2013.

DE JONG, G. Phenotypic plasticity as a product of selection in a variable environment. **American Naturalist, University of Chicago, USA**, v. 145, n.4, p.493-512. 1995.

DE JONG, G.; BIJMA, P. Selection and phenotypic plasticity in evolutionary biology and animal breeding. **Livestock Production Science**, v.78, p.195-214, 2002.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. Introduction to Quantitative Genetics. 4th ed. **Longman Group Ltd**, Essex, U.K, p. 464, 1996.

FARIA, C.U., TERRA, J.P., YOKOO, M.J.I., MAGNABOSCO, C.U., ALBUQUERQUE, L.G., LÔBO, R.B. Interação genótipo ambiente na análise genética do peso ao desmame de bovinos Nelore sob enfoque bayesiano. **Acta Scientiarum Sciences Maringá**, v.33, n.2, p. 213-218, 2011.

FERRAZ FILHO, P.B.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C.; SOUZA, J.C.; ALENCAR, M.M. Herdabilidade e correlações genéticas, fenotípicas e ambientais para pesos em diferentes idades de bovinos da raça Tabapuã. **Archives of Veterinary Science**. v.7, n.1, p.65-69, 2002.

FRIDRICH, A. B.; SILVA, M. A.; VALENTE, B. D.; SOUSA, J. E. R.; CORRÊA, G. S. S.; FERREIRA, I. C.; VENTURA, R. V.; SILVA, L. O. C. Interação genótipo x ambiente e estimativas de parâmetros genéticos dos pesos aos 205 e 365 dias de idade de bovinos Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 60, n. 4, p. 917-925, 2008.

GOMULKIEWICZ, R.; KIRKPATRICK, M. Quantitative genetics and the evolution of reaction norms. **Evolution, Society for the Study of Evolution, Tempe, AZ USA**, v.46, n.2, p.390-411. 1992.

KIRKPATRICK, M.; HECKMAN, N.A quantitative genetic model for growth, shape and other infinite dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, v.2, p.429-450, 1990.

KOLMODIN, R. ; STRAMBERG, E. ; MADSEN,; JENSEN, J.; JORJANI, H. Genotype by environment interaction in Nordic Dairy Cattle studied using

reaction norms. **Acta Agriculture Scandinavia, Section A, Animal Science**, v.52, p.11-24, 2002.

KOLMODIN, R.; BIJIMA, P. Response to mass selection when the genotype to environment interaction is modeled as a linear reaction norm. **Genetics Selection Evolution**, v.36, p.435-454.2004.

LEE, D. H.; BERTRAND, J. K. Investigation of genotype x country interactions for growth traits in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, USA, v.80, n.2, p.330-337. 2002.

LOPES, J. S.; RORATO, P. R. N.; WEBER, T.; BOLIGON, A. A.; COMIN, J. G.; DORNELLES, M. A. Efeito da interação genótipo x ambiente sobre o peso ao peso ao nascimento, aos 205 e aos 550 dias de idade de bovinos da raça Nelore na Região Sul do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 1, p. 54-60, 2008.

MASCIOLI, A.S.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R.; NUNES, M.E. Estudo da interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento de bovinos de corte utilizando Inferência Bayesiana. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.6, p.2275-2284, 2006.

MATTAR, M.; SILVA, L. O. C.; ALENCAR, M. M.; CARDOSO, F. F. Genotype × environment interaction for long-yearling weight in Canchim cattle quantified by reaction norm analysis. **Journal Animal Science**, 2011.

PEGOLO, N.T., ALBUQUERQUE, L.G., LÔBO, R.B., OLIVEIRA, H.N. Effects of sex and age on genotype x environment interaction for beef cattle body weight studied using reaction norm models. **Journal of Animal Science**, v.89, p.3410-3425, 2011.

RODRIGUES, D.T. **Interação genótipos ambientes em animais via modelos de normas de reação**. 2012. 86 f. Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria) Universidade Federal de Viçosa. 2012.

SCHEINER, S.M. Genetics and evolution of phenotypic plasticity. **Annual Review of Ecology and Systematics**.vol, 24:35–68. 1993.

SCHLICHTING, C.D. e PIGLIUCCI, M. **Phenotypic Evolution: A Reaction Norm Perspective**. Sinauer Associates, Sunderland, MA, 1998.

SHARIATI, M.M. **Statistical aspects and application of reaction norm models**. Tese - University of Copenhagen, Copenhagen, 2007.

STRANDBERG, E. Analysis of genotype by environment interaction using random regression models. **In: World Congress Genetic Applied Livestock Production**. Belo Horizonte, MG. Proceeding. Belo Horizonte. 2006.

STREIT, M., REINHARDT, F., THALLER, G., BENNEWITZ, J. Reaction norms and genotype-by-environment interaction in the German Holstein dairy cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 129, p. 380-389. 2012.

SU, G. MADSEN, P.; LUND, M.S.; SORENSEN, D.; KORSGAARD, I.R., JENSEN, J. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. **Journal Animal Science**, v.84, p.1651-1657, 2006.

THOMPSON, J.D. **Phenotypic plasticity as a component of evolutionary chance**. TREE vol. 6, p. 246-249, 1991.

TORAL, F.L.B.; SILVA, L.O.C.; MARTINS, E.N. GODO, A.; SIMONELLI, S.M. Interação genótipo x ambiente em características de crescimento de bovinos da raça nelore no Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.1445-1455, 2004.

VIA, S. Ecological genetics and host adaptation in herbivorous insects: the experimental study of evolution in natural and agricultural systems. **Annual Review of Entomology**. vol. 35, p. 421-446. 1990.

VIA, S., GOMULKIEWICZ, R., DEJONG, G., SCHEINER, S.M., SCHLICHTING, C.D. & VANTIENDEREN, P.H. Adaptive phenotypic plasticity: consensus and controversy. **Trends in Ecology & Evolution**. 19:212-217, 1995.

II - OBJETIVOS GERAIS

Verificar a presença de interações genótipos ambientes para peso à desmama (P205), peso ao ano (P365), incluindo efeito materno, e peso ao sobre ano (P550) em bovinos da raça Tabapuã criados no Nordeste do Brasil via normas de reação, utilizando uma abordagem bayesiana;

Comparar os modelos, para escolher qual o que melhor se ajusta aos dados de peso à desmama (P205), peso ao ano (P365) e peso ao sobre ano (P550);

Estimar as herdabilidades direta e materna, as correlações genéticas em função do gradiente ambiental e os valores genéticos dos touros ao longo do gradiente ambiental para peso à desmama (P205), peso ao ano (P365) e peso ao sobre ano (P550).

III - CAPÍTULO I

Interações Genótipos Ambientes para peso aos 205 dias de idade em Bovinos da Raça Tabapuã na região Nordeste do Brasil obtidas por Normas de Reação

RESUMO- Objetivou-se verificar a presença das interações genótipos ambientes (IGA) para o peso ajustado aos 205 dias de idade (P205) na raça Tabapuã no Nordeste do Brasil, usando modelos de norma de reação (MNR) via abordagem bayesiana. Os dados foram cedidos pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), sendo utilizados 12.267 registros. Os modelos hierárquicos de norma de reação (MHNR) incluíram o efeito fixo de idade da vaca (linear e quadrático) e aleatório de grupo de contemporâneo (GC), genético aditivo direto, genético materno e efeito de ambiente permanente materno. O critério de informação da *deviance* (DIC) e a *deviance* baseada na ordenada preditiva condicional (CPO) mostraram que o MNR com variância residual homogênea e um passo (MHNRHO_{1p}) proporcionou melhor ajuste aos dados, quando comparado com os modelos com variância residual heterogênea e o modelo animal padrão (MA). São apresentados os resultados de convergência a 1% ($p > 0,01$) para todos os parâmetros nos modelos animal, MHNRHO_{1p} e MHNRHE_{1p}, exceto para o parâmetro variância do efeito de ambiente permanente materno (VC4) do modelo MHNRHE_{1p}. O gradiente ambiental, para o modelo escolhido, variou de -48 a 52 kg, caracterizando níveis ambientais baixo e alto. As estimativas de herdabilidades direta e materna para o modelo animal foram $0,30 \pm 0,03$ e $0,10 \pm 0,02$, respectivamente. As herdabilidades direta e materna para o modelo normas de reação aumentaram de acordo com a melhoria do gradiente ambiental e esse aumento foi mais acentuado para a herdabilidade direta. As correlações entre a inclinação e o intercepto da norma de reação foram de $0,44 \pm 0,21$ e $0,19 \pm 0,24$, para o efeito direto e materno, respectivamente. Essas correlações de moderada para baixa indicam pouca ou ausência de relação entre os valores genéticos dos touros no ambiente de baixo manejo e os valores genéticos destes ao longo do gradiente ambiental. As correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores com maiores valores genéticos variaram de 0,93 a 0,96 nos diferentes ambientes e modelos, quando 5% dos reprodutores com maiores valores genéticos foram escolhidos. Os resultados caracterizam IGA para o peso à desmama, principalmente ao se considerar os touros mais usados no rebanho, sendo observadas mudanças de classificação e/ou efeito escala para o efeito direto e em menor magnitude para o efeito materno.

PALAVRAS-CHAVE- gradiente ambiental, regressão aleatória, zebuínos

Genotype-Environment Interactions for Weight at 205 days of age in Tabapuã Cattle in Northeast Brazil obtained by Reaction Norms

ABSTRACT - The objective was to verify the presence of genotype-environment interactions (GEI) for adjusted weight at 205 days of age (W205) in the Tabapuã breed in Northeast Brazil using reaction-norms models (RNM) via Bayesian approach. The data were provided by the Brazilian Association of Zebu Breeders (*Associação Brasileira de Criadores de Zebu, ABCZ*), with 12,267 records. The hierarchical reaction-norms models (HRNM) included the fixed (linear and quadratic) effect of cow age and random effects of contemporary group (CG), genetic additive direct, genetic maternal and maternal permanent environmental effects. Deviance information criterion (DIC) and deviance based on the conditional predictive ordinate (CPO) showed that the RNM with homogeneous residual variance and one step (HRNMHO_{1s}) provided better data adjustment compared with the models with heterogeneous residual variance and the standard animal model (AM). Results of convergence at 1% ($p > 0.01$) were shown for all parameters in the animal, HRNMHO_{1s} and HRNMHE_{1s} models, except for the parameter variance of the maternal permanent environmental effect (VC4) of the HRNMHE_{1s} model. The environmental gradient for the chosen model varied from -48 to 52 kg, characterizing low and high environmental levels. The direct and maternal heritability estimates for the animal model were 0.30 ± 0.03 and 0.10 ± 0.02 , respectively. The direct and maternal heritability for the reaction-norms model increased as the environmental gradient was improved, but this increase was more marked in the direct heritability. The correlations between the slope and the intercept of the reaction norm were 0.44 ± 0.21 and 0.19 ± 0.24 for the direct and maternal effects, respectively. These moderate-to-low correlations indicate little or absence of relationship between the genetic values of bulls in the low-management environment and their genetic values throughout the environmental gradient. Spearman's correlations among the classifications of the sires with greater genetic values varied from 0.93 to 0.96 in the different environments and models when 5% of the sires with greater genetic values were selected. The results characterize a GEI for weaning weight, especially when we consider the most used bulls in the herd, with presence of changes of ranking and/or scale effect for the direct effect and, at a lower magnitude, for the maternal effect.

Key words: environmental gradient, random regression, zebu

INTRODUÇÃO

O Brasil é um país de proporções continentais, com sistemas heterogêneos de criação de bovinos, determinados, em grande parte, pelas diferenças climáticas e econômicas, e pela disponibilidade de recursos naturais relacionados à produção animal. Esta diversidade de ambientes proporciona oportunidades diferentes de expressão para o mesmo genótipo, o que dificulta a identificação de indivíduos geneticamente superiores para a reprodução (Lopes et al., 2008).

O fenótipo dos indivíduos é o resultado de seu genótipo manifestado, segundo o ambiente em que este indivíduo está exposto. Genótipo e ambiente são importantes na expressão da maioria das características econômicas em bovinos de corte, e uma questão básica no melhoramento animal é se a seleção de indivíduos em determinado ambiente resultará em progresso genético em outro tipo de ambiente (Corrêa et al., 2009).

Interações genótipos ambientes (IGA) é o termo usado para descrever o fenômeno que ocorre quando um conjunto de genótipos muda seu desempenho relativo em ambientes diferentes (Falconer & Mackay, 1996). Na presença da IGA pode também ocorrer alterações nas variações genéticas, fenotípicas e ambientais e, por conseguinte, resultar em mudanças nas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos. Isto pode mudar os critérios de seleção e a identificação dessas interações pode contribuir para o aumento da eficiência de seleção em bovinos (Alencar et al., 2005).

Dentre as formas de se avaliar a IGA, o modelo de normas de reação (MNR) tem se destacado, por ser uma função de covariância que permite atribuir a cada animal dois coeficientes de regressão aleatórios (intercepto e inclinação), que predizem o valor genético em função do gradiente ambiental. Assim, cada animal terá um valor genético para cada ambiente, caracterizando e considerando a IGA (Rodrigues, 2012).

De acordo com Calus (2006), a IGA resulta em três efeitos: heterogeneidade de variâncias genéticas entre ambientes (também conhecido como efeitos de escala), reclassificação dos animais entre ambientes baseado em valores genéticos estimados, e heterogeneidade de correlações entre duas ou mais características entre ambientes, sendo a expressão mais extrema representada pela inversão de posicionamento de um determinado genótipo com sua mudança para outro ambiente diferente daquele onde foi obtido o primeiro posicionamento.

O efeito genético materno merece atenção especial no peso à desmama, pois pode influenciar consideravelmente no desenvolvimento da progênie, tanto na gestação quanto no período de amamentação, sendo que se este efeito for ignorado, as estimativas dos parâmetros genéticos podem não ser adequadas e a eficiência da seleção prejudicada (Ambrosini, 2012a).

Muitos estudos têm sido realizados utilizando normas de reação para avaliação das interações genótipos ambientes em diversas características (Ambrosini et al., 2012; Cardoso et al., 2007; Cardoso & Tempelman 2012; Corrêa et al., 2007, 2009; Kolmodin et al., 2002; Mattar et al., 2011; Pegolo et al., 2011; Rodrigues, 2012; Streit et al., 2012; Su et al., 2006). Apesar de alguns estudos serem realizados com características que estão sobre forte efeito materno, a modelagem com este efeito não tem sido considerada. Nos zebuínos do Brasil, existe um único trabalho, com a raça Nelore Mocho (Ambrosini, 2012a), que modelou o peso aos 205 dias com o efeito materno. Ressalta-se ainda que não existem estudos de IGA com a raça Tabapuã no Brasil.

Nesse sentido, o estudo foi realizado com o objetivo de verificar a presença da IGA, incluindo efeito materno sobre a característica peso, ajustado aos 205 dias em animais da raça Tabapuã criados no Nordeste do Brasil, por meio de normas de reação via abordagem Bayesiana.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados os registros de animais da raça Tabapuã, nascidos entre 1975 e 2007, na região Nordeste do Brasil. Os dados foram cedidos pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ). Do banco de dados inicial com 26.838 registros, foram excluídos 14.571 (6.548 animais sem registros de peso; 147 desconectados; 211 com medidas fora do intervalo estabelecido de 80 kg e 280 kg; 265 vacas com menos de 1,9 anos e mais de 25 anos; 216 reprodutores com menos de 3 progênies; 4.530 vacas com menos de 2 progênies e 2.654 animais contidos em grupos de contemporâneos com menos de 4 observações e com média de peso acima de +2,5 desvios padrão). Dessa forma, 12.267 registros foram utilizados para análises do peso ajustado aos 205 dias de idade (P205).

Os grupos de contemporâneos (GC) foram formados de forma a agrupar os animais que tiveram um ambiente equivalente de produção, incluindo rebanho, ano, época de nascimento, regime alimentar e sexo, definindo o gradiente ambiental em \pm desvios-padrão em relação à média para P205. Tais médias foram padronizadas e os GC foram agrupados em 3 classes: -2.86 desvio padrão (-48kg), zero, e + 3.09 desvio padrão (52kg).

As épocas de nascimento foram agrupadas em quatro classes (época 1: julho, agosto, setembro e outubro; época 2: novembro, dezembro, janeiro e fevereiro; e época 3: março, abril, maio e junho).

A fim de preparar o conjunto de dados para as análises de normas de reação, foram utilizadas rotinas criadas por Cardoso et al. (2008) em programação SAS (SAS, 2003). Em seguida, foi testada a conexão dos (GC), baseado no número total de laços genéticos (mínimo 10), usando o programa AMC (Roso & Schenkel, 2006). Foi realizada leitura da saída do programa AMC, preparação do arquivo de pedigree e do arquivo de dados, incluindo somente GC conectados. A conectabilidade dos (GC) resultou em um arquipélago principal (GC com maior número de laços genéticos e todos GC a ele conectados) com 12.267 animais em 1.065 GC e 147 animais em 59 GC desconectados. Apenas o arquipélago principal foi utilizado nas análises.

O programa INTERGEN foi utilizado com um modelo animal padrão (MA), na obtenção das estimativas dos efeitos médios de ambiente com base nos grupos de contemporâneos, e também para servir de base de comparação para a análise dos modelos de normas de reação.

No programa INTERGEN ajustou-se modelos hierárquicos de Bayes com parâmetros definidos em níveis ou estágios estruturados. Nos modelos de normas de reação, o valor genético do animal foi obtido por uma função do nível ambiental médio correspondente à solução do GC, ao qual o registro pertence, isto é, para cada nível ambiental foi predito um valor genético específico de cada animal, de acordo com Cardoso & Tempelman (2012).

Inicialmente, foi utilizado um modelo animal padrão (MA), que ignora a IGA e prediz o valor genético animal, além de obter as estimativas dos efeitos ambientais médios baseados nos GC.

$$y_{ij} = x_i' \beta + X_j + a_i + m_i + ep_i + e_{ij}, \quad (1)$$

Em que; y_{ij} = registro do animal i no ambiente j ; β = vetor de efeitos fixos (linear e quadrático para a idade da vaca); x_i' = é o vetor de incidência; X_j = efeito ambiental aleatório de GC; a_i = valor genético aditivo do animal i ; m_i = valor genético materno do animal i ; ep_i = efeito de ambiente permanente materno e, e_{ij} = erro residual;

Adicionalmente, duas metodologias foram implementadas para descrever os modelos hierárquicos de norma de reação (MHNR). O modelo proposto por Kolmodin et al. (2002), o qual utiliza as soluções ambientais do MA como covariáveis no MHNR, chamado de modelo hierárquico norma de reação com dois passos (MHNR_{2P}), cuja equação é apresentada a seguir:

$$y_{ij} = x_i' \beta + \phi \widehat{X}_j + a_i + m_i + ep_i + b_{1i} \widehat{X}_{j1} + b_{2i} \widehat{X}_{j2} + e_{ij}, \quad (2)$$

Em que; ϕ =coeficiente de regressão fixo; a_i =valor genético aditivo direto do intercepto ou nível da norma de reação do animal i ; m_i =valor genético materno do intercepto ou nível da norma de reação materna do animal i ; ep_i , efeito de ambiente permanente materno; b_{1i} =coeficiente de regressão aleatório ou inclinação da norma de reação direta do animal i no ambiente representando por \widehat{X}_{j1} ; b_{2i} =coeficiente de regressão aleatório ou inclinação da norma de reação materna do animal i no ambiente representando por \widehat{X}_{j2} ; \widehat{X}_{j1} = preditor de X_j obtido no (1) e e_{ij} = o erro residual.

Além disso, foi utilizada a pressuposição de Su et al. (2006), chamada de modelo hierárquico de norma de reação um passo - MHNR_{1P} que, apesar de sua semelhança com o modelo anterior (2), apresenta um processo diferente, com estimação simultânea para as soluções de GC e para intercepto e inclinação das normas de reação (NR). Neste

modelo, os efeitos de GC são considerados covariáveis desconhecidas no modelo NR, em que as estimativas de efeitos ambientais foram utilizadas como uma covariável para obter a inclinação da NR dos animais, em que X_j e b_i são conjuntamente estimados como no modelo baixo:

$$y_{ij} = x_i'\beta + X_j + a_i + m_i + ep_i + b_{1i}X_j + b_{2i}X_j + e_{ij}, \quad (3)$$

Duas diferentes pressuposições foram adotadas para a variância residual nos modelos: (a) homoscedasticidade para MA, MHNR_{2P} (MHNRRHO_{2P}) e MHNR_{1P} (MHNRRHO_{1P}), com $e_i \sim N(0, \sigma_e^2)$ $\sigma_e^2 =$ variância residual; e (b) heteroscedasticidade para os modelos MHNR_{2P} (MHNRRHE_{2P}) e MHNR_{1P} (MHNRRHE_{1P}), com $e_i \sim N(0, \sigma_{e_j}^2)$ e $\sigma_{e_j}^2 = \sigma_e^2 \eta^{X_j}$, em que $\eta =$ parâmetro de heterogeneidade de variância residual no nível ambiente X_j , seguindo a estrutura do modelo proposto por Cardoso et al. (2005).

As variâncias genéticas, aditiva direta e materna no ambiente X, $\sigma_A^2|X$ e $\sigma_M^2|X$, foram obtidas por:

$$\sigma_A^2|X = \text{var}(a_i + b_{1i}X_j) = \sigma_a^2 + \sigma_{b1}^2 X^2 + 2\sigma_{a,b}X$$

$$\sigma_M^2|X = \text{var}(a_i + b_{2i}X_j) = \sigma_m^2 + \sigma_{b2}^2 X^2 + 2\sigma_{a,b}X$$

Em que: $\sigma_a^2 = \sigma_e^2|X =$ estimativa do componente de variância genética direta para o intercepto da norma de reação, $\sigma_m^2 = \sigma_e^2|X =$ estimativa do componente de variância genética materna para o intercepto da norma de reação, $\sigma_b^2 = \sigma_e^2|X =$ estimativa do componente de variância para inclinação da norma de reação aditiva, para inclinação da norma de reação materna, $\sigma_{a,b} =$ estimativa do componente de covariância entre o intercepto e a inclinação.

As herdabilidades foram estimadas pela razão da variância genética com a variância fenotípica (genética + ambiental), como:

$$h_a^2|X = \frac{\sigma_a^2|X}{\sigma_a^2|X + \sigma_m^2|X + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2|X}$$

$$h_m^2|X = \frac{\sigma_m^2|X}{\sigma_a^2|X + \sigma_m^2|X + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2|X}$$

Em que: $\sigma_e^2|X =$ variância residual no ambiente X, obtido por $\sigma_e^2|X = \sigma_e^2 \hat{\eta}^X$, no modelo heteroscedástico e σ_e^2 no modelo homoscedástico.

Uma abordagem Bayesiana (Gianola & Fernando, 1986) foi utilizada para obter estimativas de parâmetros, por meio da cadeia de Markov de Monte Carlo (MCMC) (Blasco, 2001), e adaptando o procedimento que se segue: a) Rodou-se uma amostra piloto com 55.000 ciclos, 5.500 de descarte (*burn-in*) e 5 para o intervalo de salvamento (*thinning*); b) usando os componentes de variância salvos em a) e o pacote do programa R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2008) - Bayesian Output Analysis - BOA (Smith, 2007), aplicou-se o teste Raftery & Lewis (1992) para determinar o novo tamanho da cadeia e o período de salvamento (*thinning*); e c) o período de descarte (*burn-in*) foi avaliado pelo critério de Heidelberger & Welch (1983).

Ao final, foram rodadas análises com cadeias que variaram de 150.000 e 440.000 ciclos. Médias, desvios padrão e *percentis* (0,025 e 0,975) a *posteriori* dos parâmetros foram obtidos das suas densidades posteriores marginais, obtidas pelo Procedimento KDE do SAS (SAS, 2003).

A análise de convergência das cadeias para os diferentes modelos foi realizada por meio do diagnóstico de Geweke (1992), baseado num teste Z de igualdade de médias do logaritmo da distribuição condicional dos dados, denotadas por $l_i^{(j)} = \log p(\mathbf{y} | \boldsymbol{\theta}^{(j)}, M_i)$, das primeiras amostras (10% iniciais), e da última parte da cadeia de Markov (últimas 50%), similar ao proposto por Brooks & Roberts (1998), utilizando-se a seguinte estatística:

$$Z_i = \frac{(\bar{l}_i^A - \bar{l}_i^B)}{\sqrt{\frac{1}{n_A} \hat{S}_i^A(0) + \frac{1}{n_B} \hat{S}_i^B(0)}}$$

Em que $\bar{l}_i^A = \frac{1}{n_A} \sum_{j=1}^{n_A} l_i^{(j)}$, $\bar{l}_i^B = \frac{1}{n_B} \sum_{j=n^*}^m l_i^{(j)}$, $n_A = 66.000$, $n_B = 330.000$, $n^* = 330.001$, e com $\hat{S}_i^A(0)$ e $\hat{S}_i^B(0)$, sendo as respectivas estimativas da densidade espectral na frequência zero obtida pelo Procedimento SPECTRA do SAS (SAS, 2003), para os primeiros n_A e últimos n_B ciclos da cadeia MCMC de comprimento m . Valores absolutos extremos do escore Z_i , para um teste de duas caudas, indicam rejeição da hipótese de nulidade de convergência.

Os seguintes critérios foram utilizados para verificar o melhor modelo de ajuste: Critério de Informação da *Deviance* (DIC) (Spiegelhalter et al., 2002.); *Deviance* baseada

na ordenada preditiva condicional (CPO), como descrito por Gelfand (1996), e Critério da *Deviance* baseada nos fatores de Bayes (BF), descrito como o desvio com base na estimativa de Monte Carlo proposto por Newton & Raftery (1994). Estes desvios representam o grau de separação entre o modelo avaliado em relação a um modelo ajustado hipoteticamente perfeito, e maior quantidade de critérios com menores valores indicam melhor ajuste.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os modelos hierárquicos normas de reação dois passos com a pressuposição de homogeneidade de variância residual (MHNRRHO_{2P}) e heterogeneidade (MHNRRHE_{2P}) apresentaram problemas nas convergências e estimativas de parâmetros superestimadas. Dessa forma, optou-se por apresentar apenas os resultados para o modelo animal padrão (MA), modelo hierárquico normas de reação homoscedástico um passo (MHNRRHO_{1P}) e modelo hierárquico normas de reação heteroscedástico um passo (MHNRRHE_{1P}).

O modelo hierárquico de norma de reação homoscedástico um passo (MHNRRHO_{1P}) apresentou menores valores para os critérios de informação da *deviance* (DIC) e *deviance* baseada nos fatores de Bayes (FB). Com relação ao critério *deviance* baseada na ordenada preditiva condicional (CPO), apresentou valor menor em relação ao modelo heteroscedástico, sendo, dessa forma, considerado o modelo de melhor ajuste (Tabela 1).

Tabela 1. Critério de informação da *deviance* (DIC), *deviance* baseada na ordenada preditiva condicional (CPO) e a *deviance* baseada nos fatores de Bayes (FB) para comparação entre o modelo animal padrão e modelos hierárquicos de norma de reação homoscedástico um passo e heteroscedástico um passo.

Modelo	DIC	CPO	FB
Modelo animal padrão	108882,25	109665,93	106261,38
Modelo hierárquico normas de reação homoscedástico um passo	108278,40	111224,69	105877,18
Modelo hierárquico normas de reação heteroscedástico um passo	108833,50	111390,05	106994,73

O comprimento das cadeias Markov para o modelo escolhido foi de 220.000 iterações com 20.000 (*burn-in*) de aquecimento (descarte de 10%), gerando amostras posteriores a cada 28 ciclos. A convergência da cadeia foi avaliada pelo teste de Geweke, (1992). Este teste utiliza a comparação dos valores iniciais e finais da cadeia de Markov para verificar falhas de convergência, de modo que, na hipótese de nulidade testada, afirma-se que houve convergência, pois valores de probabilidade abaixo de 0,05 ou 0,01 indicam evidências contrárias à convergência das cadeias (Borba, 2011).

Observou-se que houve convergência a 1% ($p > 0,01$) para todos os parâmetros nos modelo animal, MHNRRHO_{1P} e MHNRRHE_{1P}.

Ambrosini (2012a), estudando interações genótipos ambientes em bovinos da raça Nelore Mocha na Região Nordeste do Brasil, obtidos por normas de reação, também obteve convergência a 5% ($p>0,05$), para todos os parâmetros de todos os modelos. Cardoso et al. (2011), Cardoso & Tempelman (2012), Corrêa et al. (2009) e Mattar et al. (2011) utilizaram modelos de normas de reação com homogeneidade e heterogeneidade de variância residual para estudos da avaliação do ganho de peso pós-desmama para as raças Angus, Hereford, Canchim e Devon, respectivamente. Nesses estudos, compararam o modelo animal convencional (MA) com o modelo hierárquico norma de reação (MHNR) e modelo hierárquico de reação heteroscedástico (MHNHRH) e observaram que o ajuste para os MHNR foram superiores aos modelos MHNHRH e MA.

Para o modelo MHNHRH_{1p}, as soluções do gradiente ambiental variaram de - 48 a 52 kg, caracterizando níveis ambientais baixo e alto. As estimativas de herdabilidade direta e materna para o modelo animal foram de $0,30\pm 0,03$ e $0,10\pm 0,02$, respectivamente (Figura 1). Observa-se ainda, na Figura 1, que as herdabilidades direta e materna para o modelo normas de reação aumentaram de acordo com a melhoria do gradiente ambiental.

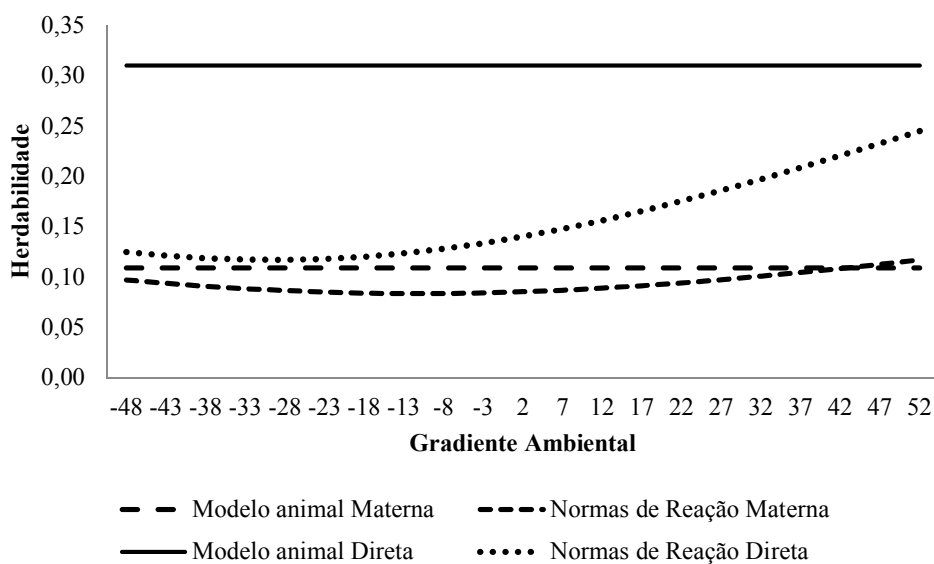


Figura 1. Herdabilidades da característica P205 para o efeito direto e materno nos modelos propostos pelo gradiente ambiental.

Esses resultados corroboram os de Ambrosini (2012a), cujas estimativas de herdabilidade direta e materna para o modelo animal foram de $0,35\pm 0,03$ e $0,11\pm 0,02$,

e esses valores foram superiores à estimativa do $MHNRHO_{1p}$ em todos os níveis das normas de reação.

Conforme Falconer & Mackay (1996), a herdabilidade é uma propriedade da população e do ambiente a que o animal é submetido, enquanto a variância ambiental é dependente das condições de produção e manejo. Maior variação ambiental reduz a herdabilidade e maior uniformidade do ambiente leva ao aumento da herdabilidade.

Para Corrêa et al. (2009), no modelo hierárquico normas de reação (MHNR) e no modelo hierárquico normas de reação heteroscedástico (MHNRH), as herdabilidades aumentaram conforme melhora o gradiente ambiental, demonstrando que há uma modificação nos parâmetros genéticos da população em função do ambiente à que estão expostos, caracterizando a presença de interações genótipos ambientes.

Ribeiro et al. (2010), estudando normas de reação na estimação da sensibilidade ambiental do mérito genético para peso à desmama em bovinos Nelore, observaram estimativas dos coeficientes de herdabilidade direta, que não apresentaram comportamento crescente no gradiente ambiental, o que pode ser consequência da utilização de um modelo que não considera a heterogeneidade das variâncias residuais no gradiente ambiental. Pégolo et al. (2009) verificaram este mesmo comportamento em estudos com peso aos 450 dias na raça Nelore.

As correlações entre a inclinação e o intercepto da norma de reação foram de $0,44 \pm 0,21$ e $0,19 \pm 0,24$, para o efeito direto e materno, respectivamente. Estas correlações de moderada para baixa indicam pouca ou ausência de relação entre os valores genéticos dos touros no ambiente de baixo manejo e os valores genéticos destes ao longo do gradiente ambiental. Observou-se que touros com alto valor genético direto responderam positivamente à melhoria ambiental, outros responderam inversamente e outros não tiveram resposta. Touros com baixo valor genético responderam também de forma variada, caracterizando interações genótipos ambientes de baixa magnitude (Figura 2).

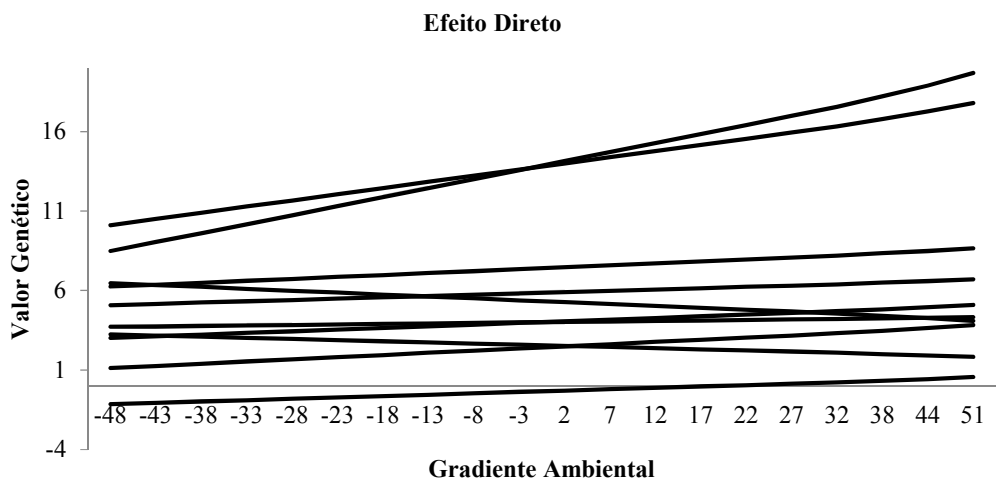


Figura 2. Norma de reação ao longo do gradiente ambiental para o P205 para efeito direto obtido para os 10 reprodutores com maior número de filhos.

Para Ribeiro et al. (2010), a correlação dada pela média das amostras *a posteriori* entre as estimativas dos componentes de variância do intercepto e da inclinação foi de 0,75, indicando que a sensibilidade às alterações de ambiente aumenta conforme a seleção para maiores valores genéticos. Para esses autores, se por um lado esta relação positiva é vantajosa por permitir o incremento da produção em um gradiente ambiental crescente, por outro lado ela acaba por ser prejudicial, já que em ambientes menos favoráveis os animais selecionados terão seus desempenhos mais prejudicados.

Segundo Corrêa et al. (2009), a correlação genética entre nível e inclinação foi de $0,83 \pm 0,01$, superior à encontrada por meio do modelo hierárquico normas de reação heteroscedástico (MHNRH), mas ambas indicaram que os animais de maior valor genético no ambiente médio foram também os que mais responderam à melhora no ambiente.

No estudo de Ambrosini (2012a), a média posterior da correlação entre a inclinação e o intercepto da norma de reação foi moderada para o efeito direto e materno ($0,79 \pm 0,12$ e $0,70 \pm 0,15$, respectivamente), indicando que os animais com maiores valores genéticos direto e materno para o peso aos 205 dias responderam à melhoria do ambiente.

As inclinações das normas de reação de todos os animais variaram de -0,13 a +0,18 (efeito direto) e -0,06 a +0,05 (efeito materno), observando-se, assim, maior incidência de genótipos robustos e intermediários (Figura 2 e 3). Os genótipos robustos

ou estáveis são aqueles de menor plasticidade, menos sensíveis às mudanças ambientais. Cardoso & Tempelman et al. (2012) observaram que os animais da raça Angus, selecionados localmente no Brasil, tendem a ser mais robusto às mudanças ambientais.

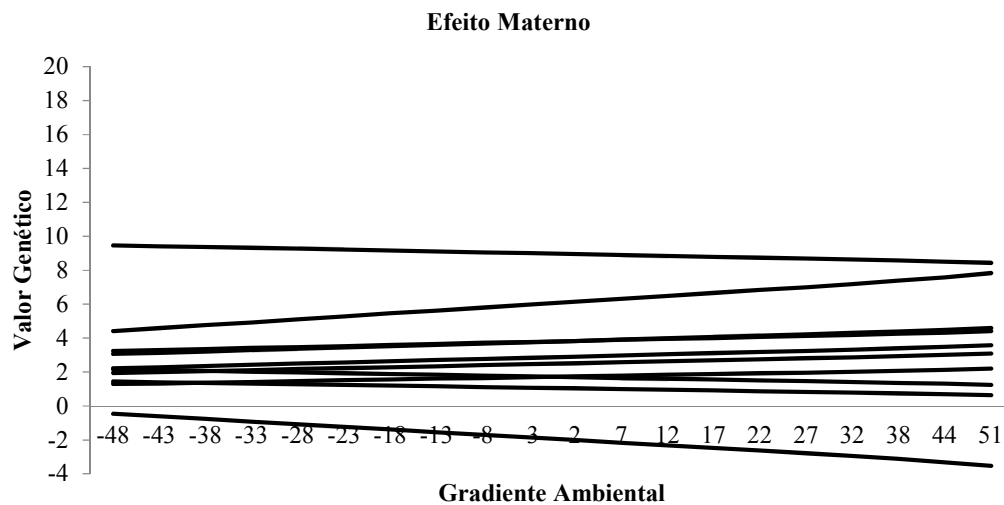


Figura 3. Norma de reação ao longo do gradiente ambiental para o P205 para efeito materno obtido para os 10 reprodutores com maior número de filhos.

No estudo de Ambrosini (2012a), as inclinações das normas de reação variaram de -0,36 a 0,23 graus para o efeito direto, e apontaram maior incidência de genótipos robustos e intermediários em 99,35% dos animais com inclinações entre -0,20 e 0,20 graus. Genótipos plásticos (-0,36 a 0,19 graus e 0,19 a 0,23 graus) foram observados apenas para 0,65% dos animais. Para o efeito materno, as inclinações tiveram variação inferior, de -0,15 a 0,14 graus, o que demonstra apenas genótipos robustos e intermediários.

As correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores variaram de 0,93 a 0,99 nos diferentes ambientes e modelos (Tabela 2).

Tabela 2. Correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores Tabapuã no Nordeste do Brasil, obtidos pelo modelo animal (MA) e pelo modelo hierárquico normas de reação homoscedástico um passo (MHNRRHO_{1p}) para os diferentes níveis ambientais.

Modelos	MHNRRHO _{1p} (Baixo)	MHNRRHO _{1p} (Médio)	MHNRRHO _{1p} (Alto)
MA	0,9335 (0,0001)	0,9688 (0,0001)	0,9539 (0,0001)
MHNRRHO _{1p} (Baixo)		0,9503 (0,0001)	0,9109 (0,0001)
MHNRRHO _{1p} (Médio)			0,9897 (0,0001)

Entre parênteses p-valor

Observou-se que as correlações são altas para os diferentes níveis ambientais (baixo, médio e alto) em todos os modelos, ao se considerar todos os touros, indicando ausência de IGA. Esses resultados são semelhantes com os de Mattar et al. (2011), que observaram correlações de Spearman alta, valores maiores que 0,90, quando comparados ao modelo animal com modelo hierárquico normas de reação homoscedástico nos três níveis: baixo, médio e alto.

Ambrosini (2012a) observou que as correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores variaram de 0,41 a 0,98 nos diferentes ambientes e modelos. Entretanto, estes autores utilizaram somente 5% dos reprodutores com maiores valores genéticos e observaram menores correlações na comparação do modelo animal com os modelos de normas de reação, confirmando a presença de interação genótipos ambientes. Corrêa et al. (2009), utilizando apenas 5% dos reprodutores, observaram que a correlação de Spearman entre as classificações variou de 0,12 a 0,99, demonstrando de moderada à alta alteração de ordenamento.

As correlações genéticas nos diferentes gradientes ambientais variaram entre 0,38 a 1,00, para o efeito direto; e 0,41 a 1,00, para o efeito materno, no MHNRRHO_{1p}. (Figuras 4A e 4B).

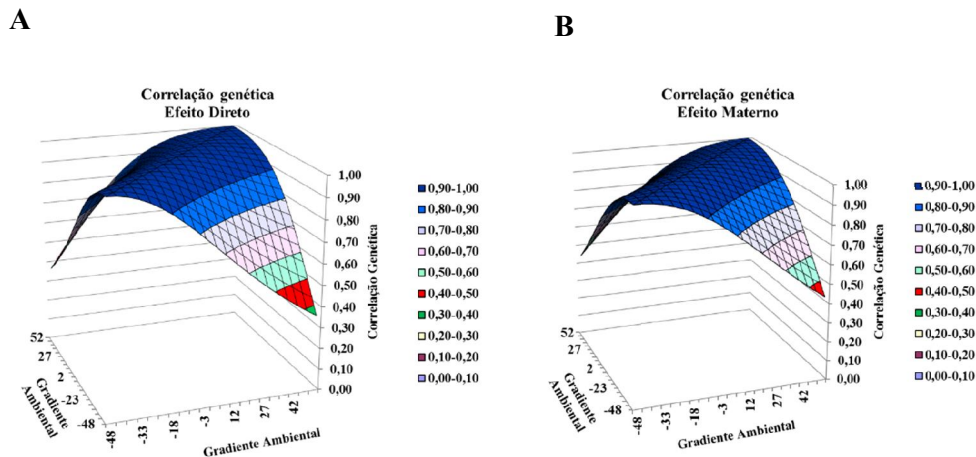


Figura 4. Gráfico de superfície de resposta das correlações entre os valores genéticos Direto (A) e Materno (B) e o gradiente ambiental.

Pode-se observar, em ambas as figuras, que as correlações genéticas entre os valores genéticos são mais elevadas quando envolvem ambientes favoráveis, como exemplo os ambientes altamente favoráveis apresentam correlações acima de 0,90. Correlações altas, em torno de 0,80, também foram observadas entre ambientes desfavoráveis. No entanto, correlações entre os valores genéticos dos touros em ambiente menos favorável e de melhor manejo foram inferior a 0,50, indicando que existe efeito de IGA.

Corrêa et al. (2009) observaram que a correlação genética nos valores médios e altos do gradiente ambiental é altamente positiva, acima de 0,80, entretanto, cai rapidamente à medida que o ambiente se torna desfavorável, apresentado valores negativos entre os extremos do gradiente ambiental.

Para Ambrosini (2012a), as correlações genéticas entre os valores genéticos nos diferentes gradientes ambientais demonstraram menor amplitude das correlações genéticas para efeito direto no MHNHRHO_{1P} (0,82 a 1,00) e maior para o efeito materno (0,52 a 1,00). Mattar et al. (2011) observaram valores entre 0,24 a 1,00, caracterizando que os animais eram mais responsivos à melhoria do nível do gradiente ambiental. Essa reordenação dos valores genéticos em níveis reduzidos do gradiente ambiental confirmou a existência de interações.

CONCLUSÕES

Na população de bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil, o modelo que melhor se ajusta aos dados é o modelo normas de reação um passo, que considera homogeneidade de variância residual.

Os MNR um passo foram adequados para avaliação da IGA na população estudada, permitindo identificar a variação nas herdabilidades direta e materna ao longo do gradiente ambiental.

Os valores genéticos da maioria dos animais apresentaram-se robustos à variação ambiental. Entretanto, quando se considera os touros mais utilizados, pode-se observar evidências de IGA para o peso à desmama, sendo observadas mudanças de classificação e/ou efeito escala para o efeito direto e, em menor magnitude, para o efeito materno.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALENCAR, M.M.; MASCIOLI, A.S.; FREITAS, A.R. Evidências de interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa/MG, v.34, n.2, p.489-495, 2005.

AMBROSINI, D.P. **Interação genótipos ambientes em bovinos da raça Nelore Mocha na Região Nordeste do Brasil obtido por normas de reação**. 2012.81f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. 2012a.

AMBROSINI, D.P.; CARNEIRO, P.L.S.; BRACCINI NETO, J.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R.; CARDOSO, F.F. Interação genótipo x ambiente quanto ao peso ao ano em bovinos Nelore Mocho no Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.47, n.10, p.1489-1495, 2012.

BLASCO, A. The Bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science**, v.79, n.8, p.2023-2046, 2001.

BORBA, L.H.F.; REY, F.S.B.; SILVA, L.O.C.; BOLIGON, A.A.; ALENCAR, M.M. Parâmetros genéticos para características de crescimento e reprodução de bovinos da raça Canchim. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.46, n.11, p.1570-1578, 2011.

BROOKS, S. P.; ROBERTS, G. O. **Convergence assessment techniques for Markov chain Monte Carlo**. *Statistics and Computing*, v. 8, n. 4, p.319-335, Dec. 1998.

CALUS, M. P. L. **Estimation of genotype x environment interaction for yield, health and fertility in dairy cattle**. Tese (PhD). Wageningen University, Wageningen, 2006.

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Caracterização de interação genótipo-ambiente no ganho pós-desmama de bovinos Angus via normas de reação. **In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, 42, 2005, Goiânia. Anais... Goiânia: SBZ, 2005.

CARDOSO, F.F. OLIVEIRA, M.M., CAMPOS, L.T. Modelos hierárquicos Bayesianos para estudo de interação genótipo-ambiente via normas de reação aplicados ao ganho pós-desmama de bovinos Angus. **In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, 44, 2007, Jaboticabal. Anais... Jaboticabal: SBZ, 2007.

CARDOSO, F.F.; OLIVEIRA, M.M. Caracterização de interação genótipo-ambiente via inferência bayesiana robusta e heteroscedástica no ganho pós-desmama de bovinos Brangus-Ibagé. **In: Simpósio da Sociedade Brasileira de**

Melhoramento Animal. São Carlos, SP. Anais... São Carlos: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2008.

CARDOSO, L. L.; BRACCINI NETO, J.; CARDOSO, F. F.; COBUCCI, J. A.; BIASSUS, I. O. BARCELLOS, J. O. J. Hierarchical Bayesian models for genotype \times environment estimates in post-weaning gain of Hereford bovine via reaction norms. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.2, p.294-300, 2011.

CARDOSO, F.F.; TEMPELMAN, R.J. Linear reaction norm models for genetic merit prediction of Angus cattle under genotype by environment interaction. **Journal of Animal Science**, v.90, p.2130-2141, 2012.

CORRÊA, M. B. B. **Caracterização da interação genótipo-ambiente no desempenho de bovinos Devon no Rio Grande do Sul via normas de reação obtidas por regressão aleatória.** Pelotas. 87p. Tese (Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Área de Concentração: Melhoramento Animal, Doutor em Ciências) Universidade Federal de Pelotas. 2007.

CORRÊA, M. B. B; DIONELLO, N. J. L.; CARDOSO, F.F. Caracterização da interação genótipo-ambiente e comparação entre modelos para ajuste do ganho pós-desmama de bovinos Devon via normas de reação. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.38, n.8, p.1468-1477, 2009.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to Quantitative Genetics.** 4th ed. Longman Group Ltd, Essex, U.K., 464p., 1996.

GELFAND, A. E. **Model determination using sampling-based methods.** In W. R. Gilks and S. Richardson and D. J. Spiegelhalter (Eds.), **Markov Chain Monte Carlo in practice**, 1st ed.: 145-161. London: Chapman & Hall, 1996.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: **BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMIT, A.F.M. (Eds.).** Bayesian statistics. New York: Oxford University, 526p, 1992.

GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, v.63, n.1, p.217-244, 1986.

HEIDELBERGER, P. e WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, 31, 1109-1144, 1983.

KOLMODIN, R. ; STRAMBERG, E. ; MADSEN,; JENSEN, J.; JORJANI, H. Genotype by environment interaction in Nordic Dairy Cattle studied using reaction norms. **Acta Agriculture Scandinavia, Section A, Animal Science**, v.52, p.11-24, 2002.

LOPES, J. S.; RORATO, P. R. N.; WEBER, T.; BOLIGON, A. A.; COMIN, J. G.; DORNELLES, M. A. Efeito da interação genótipo x ambiente sobre o peso ao o

peso ao nascimento, aos 205 e aos 550 dias de idade de bovinos da raça Nelore na Região Sul do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 1, p. 54-60, 2008.

MATTAR, M.; SILVA, L. O. C.; ALENCAR, M. M.; CARDOSO, F. F. Genotype \times environment interaction for long-yearling weight in Canchim cattle quantified by reaction norm analysis. **Journal Animal Science**, 2011.

NEWTON, M.A.; RAFTERY, A.E. Approximate Bayesian inference by the weighted likelihood bootstrap (with Discussion). **Journal of the Royal Statistical Society, series B**, v.56, p.3-48, 1994.

PEGOLO, N.T.; OLIVEIRA, H.N.; ALBUQUERQUE, L.G.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. Genotype by environment interaction for 450-day weight of Nelore cattle analysed by reaction norms models. **Genetics and Molecular Biology, ahead of print**, 2009.

PEGOLO, N.T., ALBUQUERQUE, L.G., LÔBO, R.B., OLIVEIRA, H.N. Effects of sex and age on genotype \times environment interaction for beef cattle body weight studied using reaction norm models. **Journal of Animal Science**, v.89, p.3410-3425, 2011.

RAFTERY, A. E., LEWIS, S. M. **One long run with diagnostics: Implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo**. *Statistic Science*, v.7, p 493-497, 1992.

RIBEIRO, S.; ELER, J.P.; ROSA, G.J.M.; FERRAZ, J.B.S.; BALIEIRO, J.C.C. Normas de reação na estimação da sensibilidade ambiental do mérito genético para peso à desmama em bovinos. **VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal** Maringá, PR – Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA, 2010.

RODRIGUES, D.T. **Interação genótipos ambientes em animais via modelos de normas de reação**. 2012. 86 f. Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria) Universidade Federal de Viçosa. 2012.

ROSO, V.M.; SHENKEL, F.S. AMC - A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. **In: 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**. Belo Horizonte, MG, Brasil August 13-18, communication no 27-26 p., 2006.

SAS INSTITUTE INC. SAS/STAT. SAS Institute Inc. 2003.

SMITH, B. J. **Bayesian output analysis program (BOA) version 1.1.7.2 User's manual**. Iowa: University Of Iowa., 2007.

SPIEGELHALTER, D. J.; BEST, N.G.; CARLIN, B.P.; LINDE, A.V. Bayesian measures of model complexity and fit. **Journal Of The Royal Statistical Society Series B-Statistical Methodology**, v.64, p.583-616. 2002.

STREIT, M., REINHARDT, F., THALLER, G., BENNEWITZ, J. Reaction norms and genotype-by-environment interaction in the German Holstein dairy cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 129, p. 380-389. 2012.

SU, G. MADSEN, P.; LUND, M.S.; SORENSEN, D.; KORSGAARD, I.R., JENSEN, J. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. **Journal Animal Science**, v.84, p.1651-1657, 2006.

IV - CAPÍTULO II

Interações Genótipos Ambientes para pesos aos 365 e 550 dias de idade em Bovinos da Raça Tabapuã na região Nordeste do Brasil obtidas por Normas de Reação

RESUMO - Objetivou-se avaliar a presença das interações genótipos ambientes (IGA) para os pesos ajustados aos 365 e 550 dias de idade (P365, P550) na raça Tabapuã no Nordeste do Brasil, usando modelos de norma de reação (MNR) via abordagem bayesiana. Os modelos hierárquicos de norma de reação (MHNR) incluíram o efeito fixo de idade da vaca (linear e quadrático), aleatório de grupo de contemporâneo (CG) e genético aditivo. O critério de informação da *deviance* (DIC), *deviance* baseada na ordenada preditiva condicional (CPO) e a *deviance* baseada nos fatores de Bayes (FB) mostraram que o MNR, com variância residual homogênea e um passo (MHNRHO_{1p}), proporcionou melhor ajuste aos dados, quando comparado com os modelos com variância residual heterogênea e o modelo animal padrão (MA) para ambos os pesos. Observou-se convergência a 5% ($p > 0,05$) para todos os parâmetros nos modelos MA e MHNRHO_{1p} para P365 e P550. O gradiente ambiental, para o modelo escolhido, variou de -67 a 113 kg, para P365; e -107 a 166 kg, para P550. As estimativas de herdabilidade direta e materna, para o modelo animal, foram $0,17 \pm 0,04$ e $0,07 \pm 0,03$, respectivamente, para P365. As herdabilidades direta para modelo normas de reação no ambiente de baixo manejo foram de $0,21 \pm 0,06$ e, no ambiente de alto, $0,70 \pm 0,04$; já a herdabilidade materna nesse modelo foi de $0,01 \pm 0,01$. Para P550, a estimativa de herdabilidade direta para o modelo animal foi de $0,38 \pm 0,03$ e a herdabilidade direta para o modelo normas de reação no ambiente de baixo manejo foi de $0,12 \pm 0,05$ e no ambiente de alto $0,85 \pm 0,013$. As correlações entre a inclinação e o intercepto da norma de reação foram de $0,68 \pm 0,10$ e $0,96 \pm 0,06$, para o efeito direto e materno, respectivamente, no P365, indicando que os animais com maiores valores genéticos respondem positivamente à melhoria do ambiente, especialmente para o efeito materno. No P550, a correlação para o efeito direto foi de $0,92 \pm 0,03$, caracterizando animais responsivos e presença de interações genótipos ambientes. As correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores para P365 variaram de 0,14 a 0,94, e para P550, de 0,01 a 0,99, nos diferentes ambientes e modelos. Observou-se IGA para os pesos aos 365 e 550 dias de idade, apenas quando se considerou os animais com maior número de filhos no rebanho.

PALAVRAS-CHAVE - gradiente ambiental, regressão aleatória, zebrinos.

Genotype-Environment Interactions for Weight at 365 and 550 days of age in Tabapuã Cattle in Northeast Brazil obtained by Reaction Norms

ABSTRACT - The objective was to verify the presence of genotype-environment interactions (GEI) for adjusted weight at 365 and 550 days of age (W365, W550) in the Tabapuã breed in Northeast Brazil using reaction-norms models (RNM) via Bayesian approach. The hierarchical reaction-norms models (HRNM) included the fixed (linear and quadratic) effect of cow age random effect of contemporary group (CG), and genetic additive effect. Deviance information criterion (DIC), deviance based on the conditional predictive ordinate (CPO) and deviance based on Bayes factors (BF) showed that the RNM with homogeneous residual variance and one step (HRNMHO_{1s}) provided better data adjustment compared with the models with heterogeneous residual variance and the standard animal model (AM) for both weights. Convergence was observed at 5% ($p > 0.05$) for all parameters in the MA and HRNMHO_{1s} models for W365 and W550. The environmental gradient for the chosen model varied from -67 to 113 kg for W365 and -107 to 166 kg for W550. The direct and maternal heritability estimates for the animal model were 0.17 ± 0.04 and 0.07 ± 0.03 , respectively, for W365. The direct heritability for reaction-norms model in the low-and high-management environments was 0.21 ± 0.06 and 0.70 ± 0.04 , respectively; the maternal heritability for this model was 0.01 ± 0.01 . For W550 the direct heritability estimate for the animal model was 0.38 ± 0.03 and the direct heritability for the reaction-norms model in the low-and high-management environments was 0.12 ± 0.05 and 0.85 ± 0.013 , respectively. The correlations between the slope and the intercept of the reaction norm were 0.68 ± 0.10 and 0.96 ± 0.06 for the direct and maternal effects, respectively, on W365, indicating that the animals with greatest genetic values respond positively to improvement in the environment, especially for the maternal effect. On W550 the correlation for the direct effect was 0.92 ± 0.03 , characterizing responsive animals and presence of genotype-environment interactions. Spearman's correlations among the classifications of the sires for W365 varied from 0.14 to 0.94 and for W550 from 0.01 to 0.99 in the different environments and models. Genotype-environment interaction was observed for weights at 365 and 550 days of age only when animals with a greater number of offspring in the herd were considered.

Key words: environmental gradient, random regression, zebu

INTRODUÇÃO

No Brasil, os sistemas de produção de bovinos são bastante heterogêneos, devido à grande diversidade de biomas existentes, tornando-se um desafio a definição eficaz de critérios de seleção que auxiliem na escolha de reprodutores adequados a cada sistema de produção, principalmente quando a avaliação genética do rebanho é exercida nacionalmente (Nepomuceno et al., 2013).

O mérito genético de um animal pode ser influenciado de forma significativa por mudanças no ambiente de criação, e as progênies de um mesmo reprodutor podem não repetir o desempenho dos pais, caso sejam criadas em microrregiões ou fazendas diferentes, evidenciando a necessidade de cuidados na compra de reprodutores e, ou sêmen, em razão da existência de interações genótipos ambientes – IGA (Nobre et al., 1987).

A IGA existe quando o mérito relativo de dois ou mais genótipos é dependente do ambiente no qual são comparados (Mascioli et al., 2006) e, ou quando um genótipo é melhor em um ambiente e não o é em outro (Falconer & Mackay, 1996). Segundo Streit et al. (2012), se a IGA for desconsiderada, os valores genéticos preditos podem ser tendenciosos e a resposta à seleção reduzida.

O ambiente materno influencia o crescimento do bezerro nas fases pré e pós-natal, sendo que nesta a influência da mãe pode afetar o peso do bezerro até mais de um ano de idade. Biffani et al. (1999) verificaram influência materna sobre os pesos dos bezerras até um ano de idade, sendo que Meyer et al. (1993) encontraram efeito genético aditivo materno para os pesos até os 550 dias de idade.

A utilização de uma abordagem de múltiplos caracteres é uma escolha lógica se o meio ambiente pode ser considerado como uma variável distinta, no entanto, a utilização de normas de reação pode ser mais apropriada se o ambiente muda gradualmente e pode ser medido em uma escala contínua. Assim, têm-se menos parâmetros a serem estimados e não há necessidade de se agrupar indivíduos em diferentes classes (Streit et al., 2012).

Vários autores (Ambrosini et al., 2012; Cardoso et al., 2007; Cardoso & Tempelman 2012; Corrêa et al., 2007, 2009; Mattar et al., 2011; Pegolo et al., 2011; Rodrigues 2012; Streit et al., 2012) têm estudado a IGA através de normas de reação. Vale ressaltar que não existem trabalhos avaliando a IGA com animais da raça Tabapuã

no Nordeste do Brasil e, principalmente, incluindo o efeito materno no modelo de avaliação para o peso aos 365 dias de idade.

Sendo assim, o objetivo deste estudo foi verificar se existe IGA sobre as características de pesos ajustados aos 365 dias, incluindo efeito materno, e 550 dias em animais da raça Tabapuã criados no Nordeste do Brasil, por meio de norma de reação via abordagem Bayesiana.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados os registros de animais da raça Tabapuã, nascidos entre 1975 e 2007, na região Nordeste do Brasil. Os dados foram cedidos pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ).

Do banco de dados inicial peso ajustado aos 365 dias de idade (P365), com 26.838 registros, foram excluídos 19.078 (12.136 animais sem registros de peso; 192 desconectados; 266 com medidas fora do intervalo estabelecido de 125 kg e 385 kg; 265 vacas com menos de 1,9 anos e mais de 25 anos; 194 reprodutores com menos de 3 progênes; 3.618 vacas com menos de 2 progênes e 2.407 animais contidos em grupos de contemporâneos com menos de 4 observações e com média de peso acima de +2,5 desvios padrão). Dessa forma, 7.760 registros foram utilizados para as análises.

Já para peso ajustado aos 550 dias de idade (P550), do banco de dados inicial com 26.838 registros, foram excluídos 17.471 (14.690 animais sem registros de peso; 89 desconectados; 219 com medidas fora do intervalo estabelecido de 140 kg e 540 kg; 265 vacas com menos de 1,9 anos e mais de 25 anos; 179 reprodutores com menos de 3 progênes e 2.029 animais contidos em grupos de contemporâneos com menos de 4 observações e com média de peso acima de +2,5 desvios padrão). Dessa forma, 9.367 registros foram utilizados para as análises.

Os grupos de contemporâneos (GC) foram formados de forma a agrupar os animais que tiveram um ambiente equivalente de produção, incluindo rebanho, ano, época de nascimento, regime alimentar e sexo, definindo o gradiente ambiental em \pm desvios-padrão em relação à média para P365 e P550. Tais médias foram padronizadas e os GC foram agrupados em 3 classes: -2.17 desvio padrão (-67), zero, e + 3.66 desvio padrão (113), para P365. Para P550, os GC foram agrupados em 3 classes: -2.02 desvio padrão (-107kg), zero, e + 3.13 desvio padrão (166kg).

As épocas de nascimento foram agrupadas em quatro classes (época 1: julho, agosto, setembro e outubro; época 2: novembro, dezembro, janeiro e fevereiro; e época 3: março, abril, maio e junho).

A fim de preparar o conjunto de dados para as análises de normas de reação, foram utilizadas rotinas criadas por Cardoso et al. (2008) em linguagem SAS (SAS, 2003). Em seguida, foi testada a conexão dos GC, baseado no número total de laços genéticos (mínimo 10), usando o programa AMC (Roso & Schenkel, 2006). Foi realizada leitura da

saída do programa AMC, preparação do arquivo de pedigree e do arquivo de dados, incluindo somente GC conectados. A conectabilidade dos GC resultou em um arquipélago principal (GC com maior número de laços genéticos e todos GC a ele conectados) com 7760 animais em 748 GC e 192 animais em 89 GC desconectados para P365; e para P550, com 9367 animais em 739 GC e 89 animais em 18 GC desconectados. Apenas o arquipélago principal foi utilizado nas análises.

O programa INTERGEN por Cardoso et al. (2008) foi utilizado com um modelo animal padrão (MA), na obtenção das estimativas dos efeitos médios de ambiente com base nos grupos de contemporâneos, e também para servir de base de comparação para a análise dos modelos de normas de reação.

No programa INTERGEN, ajustou-se modelos hierárquicos de Bayes com parâmetros definidos em níveis ou estágios estruturados. Nos modelos de normas de reação, o valor genético do animal foi obtido por uma função do nível ambiental médio correspondente à solução do GC ao qual o registro pertence, isto é, para cada nível ambiental foi predito um valor genético específico de cada animal, de acordo com Cardoso & Tempelman (2012).

Inicialmente, foi utilizado um modelo animal padrão (MA), que ignora a IGA e prediz o valor genético animal, além de obter as estimativas dos efeitos ambientais médios baseados nos GC.

$$y_{ij} = x'_i\beta + X_j + a_i + m_i + ep_i + e_{ij} \text{ (P365) (1)}$$

$$y_{ij} = x'_i\beta + X_j + a_i + e_{ij} \text{ (P550)}$$

Em que: y_{ij} = registro do animal i no ambiente j ; β = vetor de efeitos fixos (linear e quadrático para a idade da vaca); x'_i = é o vetor de incidência; X_j = efeito ambiental aleatório de GC; a_i = valor genético aditivo do animal i ; m_i = valor genético materno do animal i ; ep_i = efeito de ambiente permanente materno, e e_{ij} = erro residual.

Duas metodologias foram implementadas para descrever os modelos hierárquicos de norma de reação (MHNR). O modelo proposto por Kolmodin et al. (2002), o qual utiliza as soluções ambientais do MA como covariáveis no MHNR, chamado de modelo hierárquico norma de reação com dois passos (MHNR_{2P}), cuja equação é apresentada a seguir:

$$y_{ij} = x'_i\beta + \phi\hat{X}_j + a_i + m_i + ep_i + b_{1i}\hat{X}_{j1} + b_{2i}\hat{X}_{j2} + e_{ij} \text{ (P365) (2)}$$

$$y_{ij} = x_i'\beta + \phi\hat{X}_j + a_i + b_{1i}\hat{X}_{j1} + e_{ij} \quad (P550)$$

Em que: ϕ = coeficiente de regressão fixo; a_i =valor genético aditivo direto do intercepto ou nível da norma de reação do animal i ; m_i =valor genético materno do intercepto ou nível da norma de reação materna do animal i ; ep_i , efeito de ambiente permanente materno; b_{1i} =coeficiente de regressão aleatório ou inclinação da norma de reação direta do animal i no ambiente representando por \hat{X}_j ; b_{2i} =coeficiente de regressão aleatório ou inclinação da norma de reação materna do animal i no ambiente representando por \hat{X}_j ; \hat{X}_j = preditor de X_j obtido no (1); e e_{ij} = o erro residual.

Foi utilizada a pressuposição de Su et al. (2006), chamada de modelo hierárquico de norma de reação um passo - MHNR_{1P}, que, apesar de sua semelhança com o modelo anterior (2), apresenta um processo diferente, com estimação simultânea para as soluções de GC e para intercepto e inclinação das normas de reação (NR). Neste modelo, os efeitos de GC são considerados covariáveis desconhecidas no modelo NR, em que as estimativas de efeitos ambientais foram utilizadas como uma covariável para obter a inclinação da NR dos animais, em que X_j e b_i são conjuntamente estimados como no modelo abaixo:

$$y_{ij} = x_i'\beta + X_j + a_i + m_i + ep_i + b_{1i}X_j + b_{2i}X_j + e_{ij} \quad (P365) \quad (3)$$

$$y_{ij} = x_i'\beta + X_j + a_i + b_{1i}X_j + e_{ij} \quad (P550)$$

Duas diferentes pressuposições foram adotadas para a variância residual nos modelos: (a) homoscedasticidade para MA, MHNR_{2P} (MHNRHO_{2P}) e MHNR_{1P} (MHNRHO_{1P}), com $e_i \sim N(0, \sigma_e^2)$ σ_e^2 = variância residual; e (b) heteroscedasticidade para os modelos MHNR_{2P} (MHNRHE_{2P}) e MHNR_{1P} (MHNRHE_{1P}), com $e_i \sim N(0, \sigma_{e_j}^2)$.

As variâncias genéticas, aditiva direta e materna para P365 no ambiente X , $\sigma_A^2|X$ e $\sigma_M^2|X$, foram obtidas por:

$$\sigma_A^2|X = \text{var}(a_i + b_{1i}X_j) = \sigma_a^2 + \sigma_{b1}^2 X^2 + 2\sigma_{a,bX}$$

$$\sigma_M^2|X = \text{var}(a_i + b_{2i}X_j) = \sigma_m^2 + \sigma_{b2}^2 X^2 + 2\sigma_{a,bX}$$

Em que: $\sigma_a^2 = \sigma_e^2|X$ = estimativa do componente de variância genética direta para o intercepto da norma de reação, $\sigma_m^2 = \sigma_e^2|X$ = estimativa do componente de variância genética materna para o intercepto da norma de reação, $\sigma_b^2 = \sigma_e^2|X$ = estimativa do componente de variância para inclinação da norma de reação aditiva, para inclinação da

norma de reação materna, $\sigma_{a,b}$ = estimativa do componente de covariância entre o intercepto e a inclinação.

A variância genética aditiva para P550 no ambiente X, $\sigma_A^2|X$ foi obtido por:

$$\sigma_A^2|X = \text{var}(a_i + b_i X_j) = \sigma_a^2 + \sigma_b^2 x^2 + 2\sigma_{a,b}x$$

As herdabilidades para P365 foram estimadas pela razão da variância genética com a variância fenotípica (genética + ambiental), como:

$$h_a^2|X = \frac{\sigma_a^2|X}{\sigma_a^2|X + \sigma_m^2|X + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2|X}$$

$$h_m^2|X = \frac{\sigma_m^2|X}{\sigma_a^2|X + \sigma_m^2|X + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2|X}$$

Em que: $\sigma_e^2|X$ = variância residual no ambiente X, obtido por $\sigma_e^2|X = \sigma_e^2 \hat{\eta}^X$, no modelo heteroscedástico e σ_e^2 no modelo homoscedástico.

A herdabilidade para P550 foi estimada pela razão da variância genética com a variância fenotípica (genética + ambiental), como:

$$h^2|X = \frac{\sigma_a^2|X}{\sigma_a^2|X + \sigma_e^2|X}$$

Uma abordagem Bayesianiana (Gianola & Fernando, 1986) foi utilizada para obter estimativas de parâmetros, por meio da cadeia de Markov de Monte Carlo (MCMC) (Blasco, 2001), e adaptando o procedimento que se segue: a) Rodou-se uma amostra piloto com 55.000 ciclos, 5.500 de descarte (*burn-in*) e 5 para o intervalo de salvamento (*thinning*); b) usando os componentes de variância salvos em a) e o pacote do programa R– Bayesian Output Analysis – BOA (Smith, 2007), aplicou-se o teste Raftery e Lewis (1992) para determinar o novo tamanho da cadeia e o período de salvamento (*thinning*); e c) o período de descarte (*burn-in*) foi avaliado pelo critério de Heidelberger & Welch (1983).

Ao final, foram rodadas análises com cadeias que variaram de 330.000 e 440.000 ciclos, para P365; e, para P550, variaram de 55.000 e 150.000 ciclos. Médias, desvios padrão e *percentis* (0,025 e 0,975) *a posteriori* dos parâmetros foram obtidos das suas densidades posteriores marginais, obtidas pelo Procedimento KDE do SAS (SAS, 2003).

A análise de convergência das cadeias para os diferentes modelos foi realizada por meio do diagnóstico de Geweke (1992), baseado num teste Z de igualdade de médias

do logaritmo da distribuição condicional dos dados, denotadas por $l_i^{(j)} = \log p(\mathbf{y} | \boldsymbol{\theta}^{(j)}, M_i)$, das primeiras amostras (10% iniciais), e da última parte da cadeia de Markov (últimas 50%), similar ao proposto por Brooks & Roberts (1998).

Os seguintes critérios foram utilizados para verificar o melhor modelo de ajuste: Critério de Informação da *Deviance* (DIC) (Spiegelhalter et al., 2002.); *Deviance* baseada na ordenada preditiva condicional (CPO), como descrito por Gelfand (1996) e Critério da *deviance* baseada nos fatores de *Bayes* (BF), descrito como o desvio com base na estimativa de Monte Carlo, proposto por Newton & Raftery (1994). Estes desvios representam o grau de separação entre o modelo avaliado em relação a um modelo ajustado hipoteticamente perfeito, e maior quantidade de critérios com menores valores indicam melhor ajuste.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

São apresentados os resultados para o modelo animal padrão (MA), modelo hierárquico normas de reação homoscedástico um passo (MHNRHO_{1P}) e modelo hierárquico normas de reação heteroscedástico um passo (MHNRHE_{1P}), pois os modelos hierárquicos normas de reação dois passos com a pressuposição de homogeneidade de variância residual (MHNRHO_{2P}) e heterogeneidade (MHNRHE_{2P}) tiveram problemas nas convergências e estimativas superestimadas.

Para P365, o modelo hierárquico de norma de reação homoscedástico um passo - MHNRHO_{1P} apresentou menores valores para o critério *deviance* baseada na ordenada preditiva condicional (CPO) e *deviance* baseada nos fatores de *Bayes* (FB), quando comparado ao modelo hierárquico normas de reação heteroscedástico um passo - MHNRHE_{1P} (Tabela 3). Por apresentar menores valores dos avaliadores de qualidade de ajuste, o modelo MHNRHO_{1P} foi escolhido para discussão dos resultados no restante do trabalho. Para P550, esse mesmo modelo foi considerado de melhor ajuste, uma vez que apresentou menores valores para os critérios de informação da *deviance* (DIC) e *deviance* baseada nos fatores de *Bayes* (FB). Com relação ao critério *deviance* baseada na ordenada preditiva condicional (CPO), apresentou valor menor em relação ao modelo heteroscedástico um passo.

Tabela 3. Critério de informação da *deviance* (DIC), *deviance* baseada na ordenada preditiva condicional (CPO) e a *deviance* baseada nos fatores de *Bayes* (FB) para comparação entre o modelo animal padrão e modelos hierárquicos de norma de reação homoscedástico um passo e heteroscedástico um passo.

P365			
Modelo	DIC	CPO	FB
Modelo animal padrão	72566,13	73042,19	71068,31
Modelo hierárquico normas de reação homoscedástico um passo	71794,68	73920,86	71032,43
Modelo hierárquico normas de reação heteroscedástico um passo	62340,13	74305,51	71457,96
P550			
Modelo	DIC	CPO	FB
Modelo animal padrão	92902,78	93747,89	90817,86
Modelo hierárquico normas de reação homoscedástico um passo	91099,52	93829,42	89831,78
Modelo hierárquico normas de reação heteroscedástico um passo	91679,98	93936,93	91154,36

O comprimento das cadeias Markov para o modelo escolhido (MHNRRHO_{1p}) no P365 foi no máximo de 440.000 interações, com 40.000 (*burn-in*) de aquecimento (descarte de 10%), gerando amostras posteriores a cada 43 ciclos. Já para P550, o número máximo de interações observadas foi de 150.000, com 15.000 (*burn-in*) de aquecimento (descarte de 10%), gerando amostras posteriores a cada 21 ciclos. A convergência da cadeia foi avaliada pelo teste de Geweke (1992) e a indicação do número de cadeias, *burn-in* e intervalo de salvamento indicados pelo teste de Raftery & Lewis (1992).

Para P365, observou-se convergência a 5% ($p > 0,05$) para todos os parâmetros nos modelos MA e MHNRRHO_{1p} dentro de um intervalo entre 330.000 e 440.000 ciclos. Para P550, observou-se convergência a 5% ($p > 0,05$) para todos os parâmetros de todos os modelos, dentro de um intervalo entre 55.000 e 150.000 ciclos.

Estudando ganho de peso pós-desmama da raça Hereford, via modelos normas de reação, Cardoso et al. (2011) encontraram convergência para todos os modelos (animal padrão, MHNRRHO_{2p}, MHNRRHO_{1p}, MHNRRHE_{2p} e para o MHNRRHE_{1p}). Ambrosini et al. (2012) também obtiveram convergência a 5% ($p > 0,05$), para todos os parâmetros dos modelos para peso ao ano em bovinos Nelore Mocho no Nordeste do Brasil.

Comparando modelo animal convencional (MA) com modelo hierárquico norma de reação (MHNRR) e modelo hierárquico de reação heteroscedástico (MHNRRH), Cardoso et al. (2011), Cardoso & Tempelman (2012), Corrêa et al. (2009) e Mattar et al. (2011) utilizaram modelos de normas de reação para estudos da avaliação do ganho de peso pós-desmama para as raças Angus, Hereford, Canchim e Devon, respectivamente, e observaram que o ajuste para os MHNRR foram superiores aos modelos MHNRRH e MA.

Para o modelo MHNRRHO_{1p}, as soluções do gradiente ambiental variaram de -67 a 113 kg, para P365; e -107 a 166 kg, para P550, caracterizando ambientes de baixo e alto nível de manejo. As estimativas de herdabilidade direta e materna para o modelo animal foram $0,17 \pm 0,04$ e $0,07 \pm 0,03$ para P365, respectivamente. As herdabilidades direta para modelo normas de reação no ambiente baixo foram de $0,21 \pm 0,06$ e no alto $0,58 \pm 0,04$. Já a herdabilidade materna, nesse mesmo modelo, variou de $0,01 \pm 0,01$ no ambiente baixo e $0,18 \pm 0,07$ no alto (Figura 5).

Para P550, a estimativa de herdabilidade direta para o modelo animal foi de $0,38 \pm 0,03$ e a herdabilidade direta para o modelo normas de reação no ambiente baixo foi de $0,12 \pm 0,05$ e no ambiente alto $0,85 \pm 0,013$ (Figura 6).

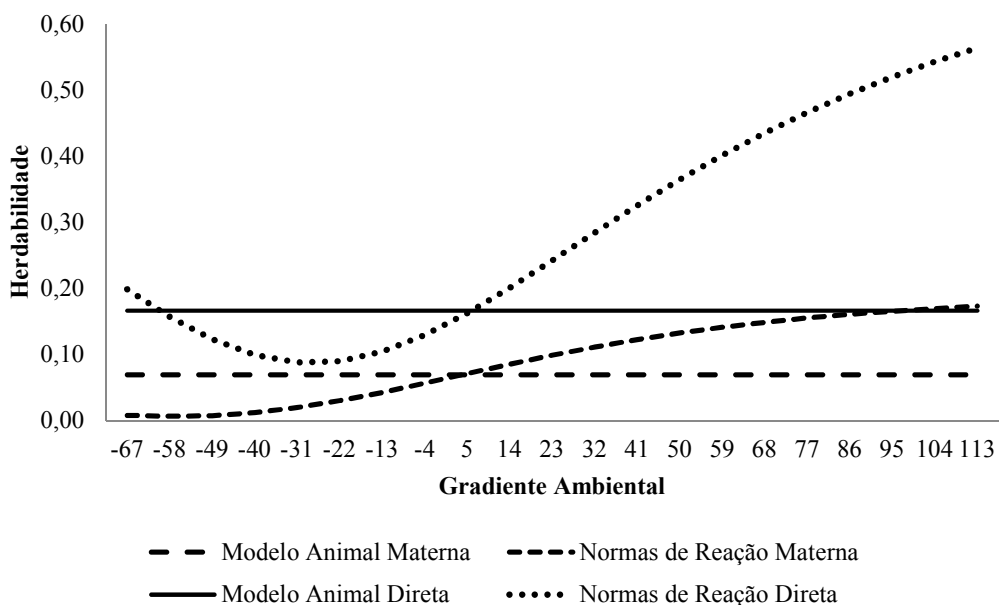


Figura 5. Herdabilidades da característica P365 para o efeito direto e materno nos modelos propostos pelo gradiente ambiental.

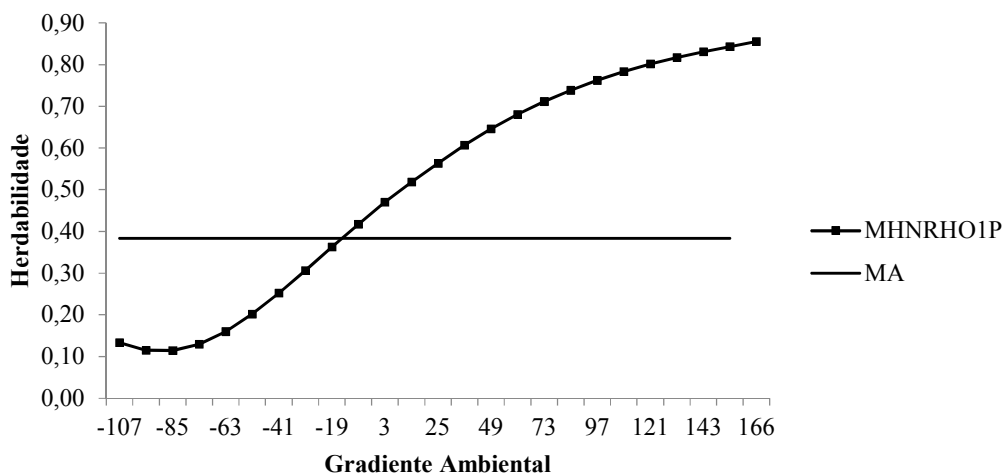


Figura 6. Herdabilidades da característica P550 nos modelos propostos pelo gradiente ambiental.

A grande variação das herdabilidades nos ambientes pode estar associada às IGA. Nos ambientes de alto manejo, as magnitudes das herdabilidades foram muito maiores,

visto que os animais tem oportunidade de expressar todo seu potencial produtivo, o que reflete em estimativas maiores das variâncias genéticas e os touros podem ser discriminados via seus valores genéticos.

Para Corrêa et al. 2009, estudando caracterização das interações genótipos ambientes e comparação entre modelos para ajuste do ganho pós-desmama de bovinos Devon, via normas de reação, a herdabilidade foi de $0,13 \pm 0,017$ para o modelo animal. No modelo hierárquico normas de reação (MHNR) e modelo hierárquico normas de reação heteroscedástico (MHNRH), as herdabilidades aumentaram conforme melhora o gradiente ambiental, demonstrando que há uma modificação nos parâmetros genéticos da população em função do ambiente a que estão expostos, caracterizando a presença de interações genótipos ambientes. Ambrosini et al. (2012), no modelo animal, verificaram que a estimativa da herdabilidade foi de $0,29 \pm 0,03$ para P365, sendo esse valor superior à estimativa do MHNRHO1P, no nível ambiental baixo.

As correlações entre a inclinação e o intercepto da norma de reação foram de $0,68 \pm 0,10$ e $0,96 \pm 0,04$, para o efeito direto e materno, respectivamente, no P365. Para P550, a correlação foi de $0,92 \pm 0,03$. As correlações de média a alta magnitude indicam que os animais com valores genéticos maiores, direto e materno, respondem positivamente, aumentando a estimativa de seus valores genéticos em ambientes de produção melhores.

Resultados semelhantes foram encontrados por Mattar et al. (2011) em que a correlação entre o intercepto e a inclinação da norma de reação foi de $0,90 \pm 0,03$, indicando a presença de interações genótipos ambientes, caracterizando o efeito de escala (Falconer et al., 1996). Isso indica que animais com maior valor genético para peso ao sobre ano responderam mais aos altos níveis ambientais, no entanto, em ambientes ruins esses animais também foram mais afetados.

Ribeiro et al. (2010), avaliando normas de reação na estimação da sensibilidade ambiental do mérito genético para peso à desmama em bovinos Nelore, observaram que a correlação dada pela média das amostras *a posteriori* entre as estimativas dos componentes de variância do intercepto e da inclinação foi de $0,75$, indicando que a sensibilidade às alterações de ambiente aumenta conforme a seleção para maiores valores genéticos.

Corrêa et al. (2009) observaram que a correlação genética entre nível e inclinação foi de $0,83 \pm 0,01$, superior à encontrada por meio do modelo hierárquico normas de reação heteroscedástico (MHNRH). Essas correlações indicaram que os animais de maior valor genético no ambiente médio foram também os que mais responderam à melhora no ambiente.

As inclinações das normas de reação para P365 variaram de $-0,45$ a $+0,45$ (efeito direto), sendo que para 96,37% dos animais da matriz de parentesco variaram entre $-0,20$ e $+0,20$, sendo estes considerados genótipos robustos e 3,63% dos animais da matriz de parentesco estão abaixo de $-0,20$ e acima de $+0,20$, caracterizando genótipos plásticos. Para o efeito materno, a variação foi de $-0,20$ a $+0,24$, observando maior incidência dos genótipos robustos.

Para P550, as inclinações variaram de $-0,75$ a $+0,85$ (efeito direto), com a maioria dos animais da matriz de parentesco 86,08% na faixa dos genótipos robustos ($-0,20$ e $+0,20$). Apenas 13,92% dos animais da matriz de parentesco estão abaixo de $-0,20$ e acima de $+0,20$, podendo ser considerados genótipos plásticos.

Foi observada maior incidência de genótipos robustos, tanto para o P365 quanto o P550, entretanto, quando se considerou apenas os 10 reprodutores com maior número de filhos (Figuras 7, 8 e 9), verificaram-se mudanças nas inclinações, o que indica presença de IGA, efeito escala e, em alguns casos, mudanças de classificações ao longo do gradiente ambiental. Isso é relevante, visto que os animais usados intensivamente podem ser escolhidos de forma errônea, a depender do ambiente em que seus filhos irão produzir.

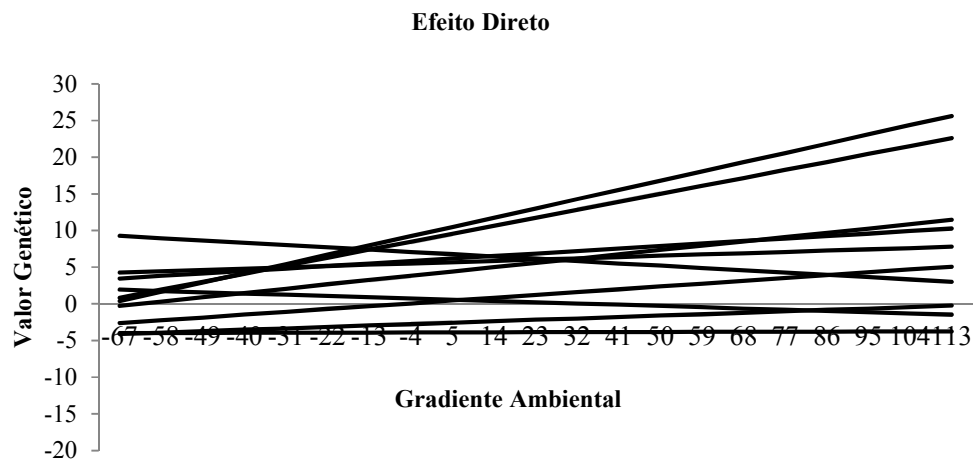


Figura 7. Norma de reação ao longo do gradiente ambiental para o P365 para efeito direto obtido para os 10 reprodutores com maior número de filhos.

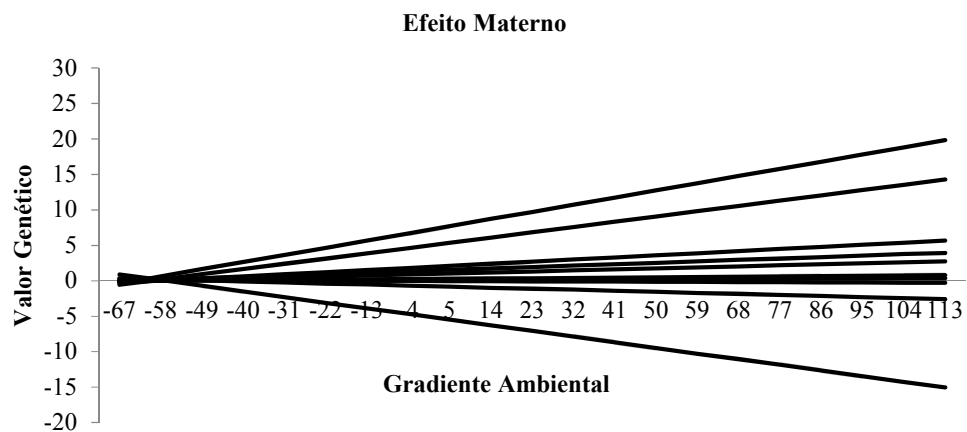


Figura 8. Norma de reação ao longo do gradiente ambiental para o P365 para efeito materno obtido para os 10 reprodutores com maior número de filhos.

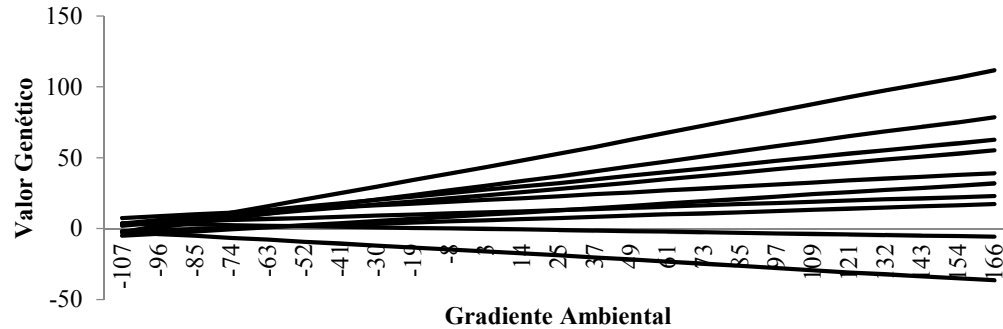


Figura 9. Norma de reação ao longo do gradiente ambiental para o P550 obtido para os 10 reprodutores com maior número de filhos.

No estudo de Ambrosini et al. (2012), as inclinações das normas de reação variaram de -0,80 a 0,67. A maior parte dos animais da matriz de parentesco (80,96%) foram classificados como robustos e intermediários, com as inclinações entre -0,20 e 0,20. Genótipos plásticos foram observados apenas para 19,03% dos animais da matriz de parentesco.

As correlações de Spearman entre as classificações dos reprodutores para P365 variaram de 0,14 a 0,94; e para P550, de 0,01 a 0,99, nos diferentes ambientes e modelos (Tabela 4). Quando considerados todos os reprodutores em ambos os pesos (P365 e P550), observa-se que a correlação entre o MHNR (nível médio) com MHNR (nível alto) é alta (0,94 para P365 e 0,99 para P550). As correlações baixas (positivas e negativas) indicam que a seleção em um ambiente não implica necessariamente em ganho genético no outro. A seleção dos animais nos ambientes de médio e alto manejo não implicará em ganho se eles forem usados em ambientes de baixo manejo.

Tabela 4. Correlações de Spearman para P365 e P550 entre as classificações dos reprodutores Tabapuã no Nordeste do Brasil obtidos pelo modelo animal (MA) e pelo modelo hierárquico normas de reação homoscedástico um passo (MHNRRHO_{1p}) para os diferentes níveis ambientais

P365						
Modelos	MHNRRHO_{1p} (Baixo)		MHNRRHO_{1p} (Médio)		MHNRRHO_{1p} (Alto)	
MA	0,1416	(0,0375)	0,9519	(0,0001)	0,8162	(0,0007)
MHNRRHO_{1p} (Baixo)			-0,0513	(0,4531)	-0,3549	(0,0001)
MHNRRHO_{1p} (Médio)					0,9362	(0,0001)
P550						
Modelos	MHNRRHO_{1p} (Baixo)		MHNRRHO_{1p} (Médio)		MHNRRHO_{1p} (Alto)	
MA	0,01024	(0,8775)	0,9439	(0,0001)	0,9342	(0,0001)
MHNRRHO_{1p} (Baixo)			-0,0851	(-0,199)	-0,1471	(0,0261)
MHNRRHO_{1p} (Médio)					0,9968	(0,0001)

Entre parênteses p-valor

Resultados semelhantes foram encontrados por Corrêa et al. (2009), os quais observaram que a correlação de Spearman entre as classificações variou de 0,12 a 0,99, considerada de moderada a alta alteração de ordenamento. Eles afirmaram que esses resultados indicam a necessidade de considerar as interações genótipos ambientes no processo seletivo, principalmente nos níveis de baixo desempenho dos indivíduos, em que houve a maioria das inversões de ordenamento. No entanto, nos níveis de alto desempenho, observou-se efeito em escala e, portanto, os indivíduos de maior valor genético médio foram os que mais responderam às modificações ambientais.

Mattar et al. (2011), avaliando interações genótipos ambientes para peso ao sobre ano em bovinos da raça Canchim, via normas de reação, observaram correlações de Spearman alta, valores maiores que 0,90, quando comparados ao modelo animal com modelo hierárquico normas de reação homoscedástico nos três níveis: baixo, médio e alto.

Ambrosini et al. (2012) observaram que as correlações de Spearman, entre as classificações dos reprodutores com maior valor genético, variaram de 0,73 a 0,99 nos

diferentes ambientes e modelos, quando 5% dos reprodutores com maiores valores genéticos foram escolhidos; e de 0,71 a 0,99, quando 10% dos reprodutores foram selecionados. As menores correlações foram observadas na comparação do modelo animal com os modelos de normas de reação, o que confirma a presença das interações genótipos ambientes.

As correlações genéticas nos diferentes gradientes ambientais para P365 variaram entre -0,61 a 1,00, para o efeito direto; e -0,41 a 1,00, para o efeito materno, no MHNHRHO_{1P}. (Figuras 10 e 11). Para P550, variaram entre -0,10 a 1,00, para o efeito direto no MHNHRHO_{1P} (Figura 12).

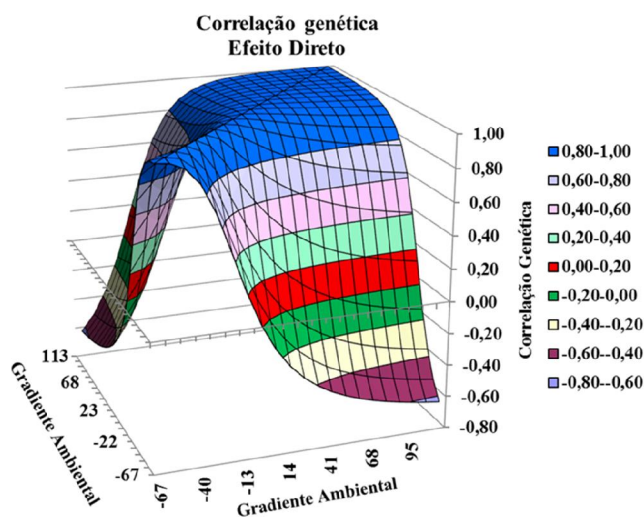


Figura 10. Gráfico de superfície de resposta das correlações entre os valores genéticos direto e o gradiente ambiental (P365).

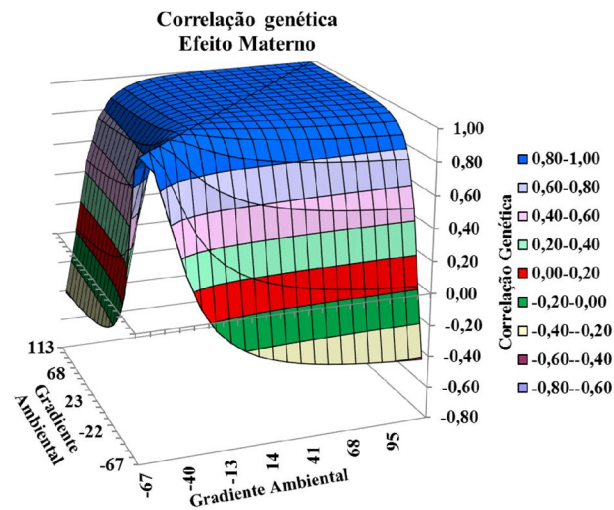


Figura 11. Gráfico de superfície de resposta das correlações entre os valores genéticos materno e o gradiente ambiental (P365).

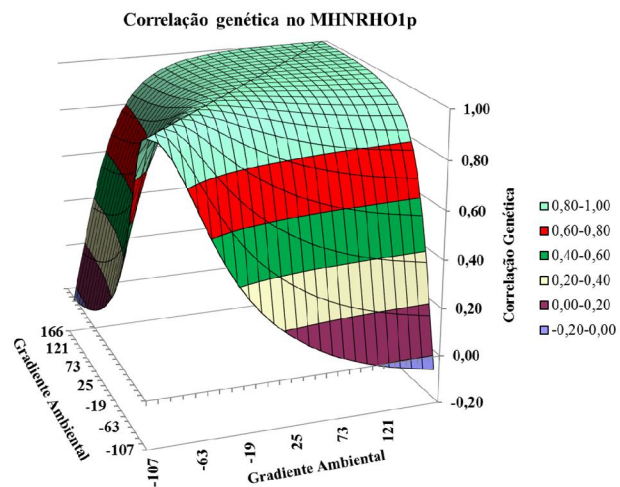


Figura 12. Gráfico de superfície de resposta das correlações entre os valores genéticos e o gradiente ambiental (P550).

Foi observado nas figuras 9, 10 e 11 que a correlação genética nos valores médios e altos do gradiente ambiental é altamente positiva, estando acima de 0,80, no entanto, esta correlação decresce à medida que o ambiente fica desfavorável, apresentando valores

negativos entre os extremos do gradiente ambiental. Esses resultados corroboram os de Corrêa et al. 2009, que concluíram que com esses resultados podemos afirmar que a genética necessária para produção nos ambientes muito adversos é diferente daquela que produz melhor nos ambientes razoáveis e bons.

Para Ambrosini et al. (2012), as correlações genéticas entre os valores genéticos e o gradiente ambiental obtiveram pequena diferença entre as amplitudes das correlações genéticas para o modelo hierárquico normas de reação homoscedástico um passo (0,78 a 1,00). Em relação ao modelo com dois passos, que foi o segundo melhor modelo do estudo, as correlações apresentaram maior variação (0,50 a 1,00), o que indica que pode haver interações genótipos ambientes.

CONCLUSÕES

O modelo normas de reação um passo, que considera homogeneidade de variância residual, foi o que melhor se ajustou aos dados na população de bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil. Esses modelos foram adequados para avaliarem a IGA na população de bovinos estudada, identificando as variações nas herdabilidades ao longo do gradiente ambiental.

Os valores genéticos da maioria dos animais apresentaram-se robustos à variação ambiental para P365 e P550. No entanto, quando considera os reprodutores com maior número de filhos, verifica-se a presença de IGA.

A seleção usando os MHNR dos animais no ambiente de baixo manejo não implicará em ganhos, se eles forem utilizados em ambientes de médio e alto nível de produção.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMBROSINI, D.P. **Interação genótipos ambientes em bovinos da raça Nelore Mocha na Região Nordeste do Brasil obtido por normas de reação**. 2012.81f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. 2012a.

AMBROSINI, D.P.; CARNEIRO, P.L.S.; BRACCINI NETO, J.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R.; CARDOSO, F.F. Interação genótipo \times ambiente quanto ao peso ao ano em bovinos Nelore Mocho no Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.47, n.10, p.1489-1495, 2012.

BIFFANI, S., MARTINS FILHO, R., GIORGETTI, A. Fatores ambientais e genéticos sobre o crescimento ao ano e ao sobre ano de bovinos nelore, criados no Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v. 28, n. 3, p. 468-472, 1999.

BLASCO, A. The Bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science**, v.79, n.8, p.2023-2046, 2001.

BROOKS, S. P.; ROBERTS, G. O. **Convergence assessment techniques for Markov chain Monte Carlo**. Statistics and Computing, v. 8, n. 4, p.319-335, Dec. 1998.

CARDOSO, F.F.; OLIVEIRA, M.M. Caracterização de interação genótipo-ambiente via inferência bayesiana robusta e heteroscedástica no ganho pós-desmama de bovinos Brangus-Ibagé. **In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL**, 2008, São Carlos, SP. Anais. São Carlos: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2008.

CARDOSO, F.F. OLIVEIRA, M.M., CAMPOS, L.T. Modelos hierárquicos Bayesianos para estudo de interação genótipo-ambiente via normas de reação aplicados ao ganho pós-desmama de bovinos Angus. **In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, 44, 2007, Jaboticabal. Anais... Jaboticabal: SBZ, 2007.

CARDOSO, F.F.; TEMPELMAN, R.J. Linear reaction norm models for genetic merit prediction of Angus cattle under genotype by environment interaction. **Journal of Animal Science**, v.90, p.2130-2141, 2012.

CARDOSO, L. L.; BRACCINI NETO, J.; CARDOSO, F. F.; COBUCCI, J. A.; BIASSUS, I. O. BARCELLOS, J. O. J. Hierarchical Bayesian models for genotype \times environment estimates in post-weaning gain of Hereford bovine via reaction norms. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.2, p.294-300, 2011.

CORRÊA, M. B. B. **Caracterização da interação genótipo-ambiente no desempenho de bovinos Devon no Rio Grande do Sul via normas de reação obtidas por regressão aleatória**. Pelotas. 87p. Tese (Programa de Pós-Graduação

em Zootecnia, Área de Concentração: Melhoramento Animal, Doutor em Ciências) Universidade Federal de Pelotas, 2007.

CORRÊA, M. B. B.; DIONELLO, N. J. L.; CARDOSO, F.F. Caracterização da interação genótipo-ambiente e comparação entre modelos para ajuste do ganho pós-desmama de bovinos Devon via normas de reação. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.38, n.8, p.1468-1477, 2009.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4th ed. Longman Group Ltd, Essex, U.K. 464p, 1996.

GELFAND, A. E. Model determination using sampling-based methods. In W. R. Gilks and S. Richardson and D. J. Spiegelhalter (Eds.), **Markov Chain Monte Carlo in practice**, 1st ed.: 145-161. London: Chapman & Hall, 1996.

GEWEKE, J. **Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments**. In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMIT, A.F.M. (Eds.). *Bayesian statistics*. New York: Oxford University, 526p, 1992.

GIANOLA, D.; FERNANDO, R. L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, Savoy, v.63, n.1, p.217- 244, July 1986.

HEIDELBERGER, P. e WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, 31, 1109-1144, 1983.

KOLMODIN, R.; STRAMBERG, E.; MADSEN,; JENSEN, J.; JORJANI, H. Genotype by environment interaction in Nordic Dairy Cattle studied using reaction norms. **Acta Agriculture Scandinavia, Section A, Animal Science**, v.52, p.11-24, 2002.

MASCIOLI, A.S.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R.; NUNES, M.E. Estudo da interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento de bovinos de corte utilizando Inferência Bayesiana. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.6, p.2275-2284, 2006.

MATTAR, M.; SILVA, L. O. C.; ALENCAR, M. M.; CARDOSO, F. F. Genotype \times environment interaction for long-yearling weight in Canchim cattle quantified by reaction norm analysis. **Journal Animal Science**, 2011.

MEYER, K., CARRICK, M.J., DONNELLY, B.J.P. Genetic parameters for growth traits of Australian beef cattle from a multibreed selection experiment. **Journal Animal Science**, 71:2614-2622, 1993.

NEPOMUCENO, L.L.; LIRA, T.S.; LOPES, F.B.; LÔBO, R.B.; FERREIRA, J.L. Interação genótipo-ambiente para características sob efeito maternal na raça Nelore nos estados do Maranhão, Mato Grosso e Pará. **Revista Brasileira Saúde Produção Animal**, v. 14, p. 269-276, 2013.

NEWTON, M.A.; RAFTERY, A.E. Approximate Bayesian inference by the weighted likelihood bootstrap (with Discussion). **Journal of the Royal Statistical Society, series B**, v.56, p.3-48, 1994.

NOBRE, P.R.C.; ROSA, A.N.; EUCLIDES FILHO, K. Interação genótipo x ambiente em gado nelore. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.16, n.4, p.352-363, 1987.

PEGOLO, N.T., ALBUQUERQUE, L.G., LÔBO, R.B., OLIVEIRA, H.N. Effects of sex and age on genotype x environment interaction for beef cattle body weight studied using reaction norm models. **Journal of Animal Science**, v.89, p.3410-3425, 2011.

RAFTERY, A. E., LEWIS, S. M. **One long run with diagnostics: Implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo**. *Statistic Science*, v.7, p 493-497, 1992.

RIBEIRO, S.; ELER, J.P.; ROSA, G.J.M.; FERRAZ, J.B.S.; BALIEIRO, J.C.C. Normas de reação na estimação da sensibilidade ambiental do mérito genético para peso à desmama em bovinos. **VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal** Maringá, PR – Melhoramento Animal no Brasil: Uma Visão Crítica, 2010.

RODRIGUES, D.T. **Interação genótipos ambientes em animais via modelos de normas de reação**. 2012. 86 f. Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria) Universidade Federal de Viçosa. 2012.

ROSO, V.M.; SHENKEL, F.S. **AMC - A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups**. In: 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Belo Horizonte, MG, Brasil August 13-18, communication no 27-26 p., 2006.

SAS INSTITUTE INC. SAS/STAT. SAS Institute Inc. 2003.

SMITH, B. J. **Bayesian output analysis program (BOA) version 1.1.7.2 User's manual**. Iowa: University Of Iowa., 2007.

SPIEGELHALTER, D. J.; BEST, N.G. et al. Bayesian measures of model complexity and fit. **Journal Of The Royal Statistical Society Series B-Statistical Methodology**, v.64, p.583-616. 2002.

STREIT, M., REINHARDT, F., THALLER, G., BENNEWITZ, J. Reaction norms and genotype-by-environment interaction in the German Holstein dairy cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 129, p. 380-389. 2012.

SU, G. MADSEN, P.; LUND, M.S.; SORENSEN, D.; KORSGAARD, I.R.; JENSEN, J. Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates. **Journal Animal Science**, v.84, p.1651-1657, 2006.

V - CONSIDERAÇÕES FINAIS

Na população de bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil, o modelo que melhor se ajusta aos dados é o modelo normas de reação um passo, que considera homogeneidade de variância residual.

Os MNR um passo foram adequados para avaliação da IGA na raça Tabapuã do Nordeste do Brasil, permitindo identificar a variação nos valores genéticos ao longo do gradiente ambiental.

Para o peso aos 205 dias de idade (P205), os valores genéticos da maioria dos animais apresentam-se robustos à variação ambiental. Entretanto, quando se considera os touros mais utilizados, observou-se evidências de IGA para o peso à desmama, sendo observadas mudanças de classificação e/ou efeito escala para o efeito direto e em menor magnitude para o efeito materno.

Observou-se IGA para os pesos aos 365 e 550 dias de idade apenas quando se considerou os reprodutores com maior número de filhos no rebanho. Ficou evidente que a seleção usando os MHNR dos animais no ambiente de baixo manejo não implicará em ganhos, se eles forem utilizados em ambientes de médio e alto nível de produção.